



VYSOKÉ UČENÍ TECHNICKÉ V BRNĚ

BRNO UNIVERSITY OF TECHNOLOGY

**FAKULTA ELEKTROTECHNIKY
A KOMUNIKAČNÍCH TECHNOLOGIÍ**

FACULTY OF ELECTRICAL ENGINEERING AND COMMUNICATION

ÚSTAV BIOMEDICÍNSKÉHO INŽENÝRSTVÍ

DEPARTMENT OF BIOMEDICAL ENGINEERING

SEGMENTACE ŽEBER V HRUDNÍCH CT SKENECH

SEGMENTATION OF RIBS IN THORACIC CT SCANS

DIPLOMOVÁ PRÁCE

MASTER'S THESIS

AUTOR PRÁCE

AUTHOR

Bc. Ondřej Kašík

VEDOUCÍ PRÁCE

SUPERVISOR

Ing. Roman Jakubíček

BRNO 2020

Diplomová práce

magisterský navazující studijní program **Biomedicínské inženýrství a bioinformatika**

Ústav biomedicínského inženýrství

Student: Bc. Ondřej Kašík

ID: 183290

Ročník: 2

Akademický rok: 2019/20

NÁZEV TÉMATU:

Segmentace žeber v hrudních CT skenech

POKYNY PRO VYPRACOVÁNÍ:

1) Seznamte se s anomií skeletu hrudního koše, zobrazování pomocí CT modality a metod segmentace obrazů. 2) Vypracujte literární rešerši publikovaných řešení segmentace žeber v CT datech. 3) Navrhněte segmentační přístup pro segmentaci žeber v 3D hrudních CT datech. Zaměřte se zejména na problematické případy – oblast kloubního spojení obratlů a žeber, chrupavčité části či nepravých žeber. 4) Navrženou metodu implementujte ve zvoleném programovém prostředí. Proveďte prvotní zhodnocení úspěšnosti segmentace pomocí vhodných subjektivních metrik. 5) Na části dostupné databáze proveďte anotaci segmentace žeber zvoleným volně dostupným softwarem. Na základě objektivního vyhodnocení úspěšnosti upravte navržený přístup a optimalizujte jeho parametry. 6) Zhodnoťte úspěšnost, diskutujte dosažené výsledky a možnosti využití segmentace žeber v medicíně.

DOPORUČENÁ LITERATURA:

[1] GUO, Wei, et al. Automatic Rib Detection and Segmentation Based on Spatial Distance Constraints Particle Filter Method. In: Proceedings of the 2018 International Conference on Image and Graphics Processing. ACM, 2018. p. 22-25.

[2] SONKA, Milan; HLAVAC, Vaclav; BOYLE, Roger. Image processing, analysis, and machine vision. Cengage Learning, 2014.

Termín zadání: 3.2.2020

Termín odevzdání: 29.5.2020

Vedoucí práce: Ing. Roman Jakubíček

prof. Ing. Ivo Provazník, Ph.D.
předseda rady studijního programu

UPOZORNĚNÍ:

Autor diplomové práce nesmí při vytváření diplomové práce porušit autorská práva třetích osob, zejména nesmí zasahovat nedovoleným způsobem do cizích autorských práv osobnostních a musí si být plně vědom následků porušení ustanovení § 11 a následujících autorského zákona č. 121/2000 Sb., včetně možných trestněprávních důsledků vyplývajících z ustanovení části druhé, hlavy VI. díl 4 Trestního zákoníku č.40/2009 Sb.

ABSTRAKT

Tato práce se zabývá návrhem a realizací algoritmu pro segmentaci žeber z hrudních CT dat. Pro segmentaci je zvolena metoda detekce středových linií žeber. Prvním krokem tohoto přístupu je extrakce středových linií kostí vstupních CT dat. Středové linie jsou rozděleny na krátká primitiva, která jsou poté klasifikována do dvou kategorií podle toho, zdali reprezentují středovou linii žebra či nikoliv. Následně se středové linie žeber stávají počátečními body metody narůstání oblastí v trojrozměrném prostoru, kterou je realizována finální segmentace žeber. V rámci práce byla manuálně anotována databáze 10 CT skenů, která byla následně využita pro validaci navrženého přístupu segmentace. Dosažená úspěšnost klasifikace primitiv je 96,7 %, úspěšnost segmentace žeber (Dice koeficient) je pak 86,8 %.

KLÍČOVÁ SLOVA

Výpočetní tomografie, segmentace, žebra, středové linie, klasifikace

ABSTRACT

This thesis deals with design and implementation of an algorithm for segmentation of ribs from thoracic CT data. For the segmentation method of rib centerlines detection is chosen. The first step of this approach is to extract the centerlines of all the bones located in the scan. These centerlines are divided into short primitives, which are subsequently classified into couple of categories, depending on whether they represent the centerline of the rib. Subsequently, the centrelines of ribs are used as the seed points of the region growing algorithm in three-dimensional space, which realizes the final segmentation of the ribs. Within the work, a database of 10 CT scans was manually annotated, which was subsequently used to validate a performance of the proposed segmentation approach. The achieved success rate of primitive classification is 96,7 %, the success rate of rib segmentation (Dice coefficient) is 86,8 %.

KEYWORDS

Computed tomography, segmentation, ribs, centrelines, classification

BIBLIOGRAFICKÁ CITACE:

KAŠÍK, Ondřej. *Segmentace žeber v hrudních CT skenech*. Brno, 2020. Dostupné také z: <https://www.vutbr.cz/studenti/zav-prace/detail/126838>. Diplomová práce. Vysoké učení technické v Brně, Fakulta elektrotechniky a komunikačních technologií, Ústav biomedicínského inženýrství. Vedoucí práce Roman Jakubíček.

PROHLÁŠENÍ

„Prohlašuji, že svou závěrečnou práci na téma *Segmentace žeber v hrudních CT skenech* jsem vypracoval samostatně pod vedením vedoucího diplomové práce a s použitím odborné literatury a dalších informačních zdrojů, které jsou všechny citovány v práci a uvedeny v seznamu literatury na konci práce.

Jako autor uvedené závěrečné práce dále prohlašuji, že v souvislosti s vytvořením této závěrečné práce jsem neporušil autorská práva třetích osob, zejména jsem nezasáhl nedovoleným způsobem do cizích autorských práv osobnostních a jsem si plně vědom následků porušení ustanovení § 11 a následujících autorského zákona č. 121/2000 Sb., včetně možných trestněprávních důsledků vyplývajících z ustanovení části druhé, hlavy VI. díl 4 Trestního zákoníku č. 40/2009 Sb.

V Brně dne 29. 5. 2020

.....
podpis autora

PODĚKOVÁNÍ

Děkuji vedoucímu mé bakalářské práce Ing. Romanovi Jakubíčkoví za účinnou metodickou, pedagogickou a odbornou pomoc a další cenné rady při zpracování mé diplomové práce.

V Brně dne 29. 5. 2020

.....
podpis autora

OBSAH

ÚVOD	1
1 ANATOMIE HRUDNÍHO KOŠE	2
2 VÝPOČETNÍ TOMOGRAFIE	4
2.1 CT data.....	4
2.2 Datové formáty	5
2.3 CT vyšetření.....	5
2.4 Zobrazení žeber v CT datech	7
3 SEGMENTAČNÍ TECHNIKY A PŘÍSTUPY K SEGMENTACI ŽEBER.....	13
3.1 Přehled segmentačních technik.....	13
3.2 Přístupy k segmentaci žeber.....	16
4 METODA ZALOŽENÁ NA DETEKCI STŘEDOVÝCH LINÍ ŽEBER.....	21
4.1 Předzpracování vstupních dat	21
4.2 Detekce středových linií kostí.....	22
4.3 Tvorba primitiv	23
4.4 Klasifikace primitiv	25
4.5 Aplikace narůstání oblastí.....	26
5 REALIZACE SEGMENTACE ŽEBER	27
5.1 Experimentální data	27
5.2 Realizace předzpracování vstupních dat	28
5.3 Realizace detekce středových linií kostí	29
5.4 Realizace tvorby primitiv.....	30
5.5 Realizace klasifikace primitiv	32
5.6 Realizace finální úpravy středových linií žeber.....	42
5.7 Realizace finální segmentace	44
6 HODNOCENÍ ÚSPĚŠNOSTI FINÁLNÍ SEGMENTACE ŽEBER.....	47
7 DISKUSE	51
7.1 Výhody a nevýhody zvoleného přístupu.....	51
7.2 Výpočetní náročnost algoritmu.....	52
7.3 Nedostatky segmentace.....	53
7.4 Odolnost vůči variabilitě vstupních dat	54
7.5 Využití vysegmentovaných žeber	55
ZÁVĚR.....	56
LITERATURA.....	58
SEZNAM SYMBOLŮ, VELIČIN A ZKRATEK.....	61

SEZNAM OBRÁZKŮ

Obrázek 1.1 - Stavba hrudního koše [2]	2
Obrázek 1.2 - Spojení žebra a hrudního obratle [4].....	3
Obrázek 2.1 – Typické patologie v hrudních CT datech [10][11].....	6
Obrázek 2.2 - Řezy CT daty v různých rovinách	7
Obrázek 2.3 - Transverzální řezy CT daty z oblasti 1., 6. a 12. hrudního obratle.....	8
Obrázek 2.4 - Připojení žeber k obratlům (transverzální řez).....	8
Obrázek 2.5 - Zakončení žeber v transverzálních řezech	9
Obrázek 2.6 – Koronální řezy CT daty s označenými žebry	10
Obrázek 2.7 – Připojení žeber k páteři v koronálních řezech	10
Obrázek 2.8 – Žebra v sagitálních řezech.....	11
Obrázek 2.9 – Zlomeniny žeber v CT snímcích [11]	12
Obrázek 2.10 – Nádory na žebrech v CT snímcích [12]	12
Obrázek 3.1 - Hrudní CT snímek a jeho segmentace získaná prahováním	14
Obrázek 3.2 – Kroky metody narůstání oblastí	15
Obrázek 3.3 – Dílčí kroky metody založené na procházení koronálních řezů	17
Obrázek 3.4 – Dílčí kroky metody založené na detekci páteřního kanálu [17].....	18
Obrázek 3.5 – Dílčí kroky metody založené na deformaci pravděpodobnostní mapy ...	19
Obrázek 4.1 - Vývojový diagram navrženého algoritmu inspirovaného článkem [19]..	21
Obrázek 4.2 –Dílčí kroky předzpracování vstupních CT dat	21
Obrázek 4.3 – Princip detekce středových linií [19]	22
Obrázek 4.4 – Třetí podmínka pro tvorbu primitiv [19].....	24
Obrázek 4.5 – Princip k-NN klasifikátoru	25
Obrázek 4.6 – Průběh segmentace žebra metodou narůstání oblastí.....	26
Obrázek 5.1 - Vývojový diagram procesu předzpracování vstupních dat.....	28
Obrázek 5.2 – Naprahovaná a následně rozmazaná CT data.....	28

Obrázek 5.3 – Dílčí kroky detekce středových linií kostí hrudních CT dat	29
Obrázek 5.4 – Předzpracovaná vstupní data a středové linie kostí v těchto datech	29
Obrázek 5.5 – Elementární kroky procesu tvorby jednoho primitiva.....	30
Obrázek 5.6 – Středové linie kostí hrudního koše a z nich vytvořená primitiva.....	31
Obrázek 5.7 - Hlavní kroky procesu klasifikace primitiv.....	32
Obrázek 5.8 – Soubor všech primitiv a primitiva klasifikovaná do dvou tříd.....	33
Obrázek 5.9 – Data pro odvození příznaků založených na hodnotě jasů primitiv	35
Obrázek 5.10 – Vzájemné příznaky dvou primitiv [19]	35
Obrázek 5.11 – Korelační matice před a po odstranění korelovaných příznaků	37
Obrázek 5.12 – Závislost úspěšnosti klasifikace na dimenzi příznakového prostoru.....	38
Obrázek 5.13 – Úspěšnost klasifikace během procesu selekce příznaků	39
Obrázek 5.14 - Nejdůležitější kroky procesu finální úpravy středových linií žeber	42
Obrázek 5.15 – Středové linie žeber před a po finální úpravě.....	43
Obrázek 5.16 - Nejdůležitější kroky finální segmentace žeber	44
Obrázek 5.17 – Iniciační body metody narůstání oblastí a finální segmentace žeber	45
Obrázek 5.18 – Rozdíl mezi žebry s hůře a lépe vysegmentovanými počátky	46
Obrázek 6.1 – Nesprávně vysegmentované objekty	49
Obrázek 7.1 – Nedostatky nejkvalitnější segmentace žeber	53
Obrázek 7.2 - Nedostatky nejméně kvalitní segmentace žeber	54
Obrázek 7.3 – Segmentace žeber CT skenu neznámého původu	55

SEZNAM TABULEK

Tabulka 3.1 - Srovnání publikovaných přístupů pro segmentaci žeber.....	20
Tabulka 5.1 - Parametry funkce realizující předzpracování vstupních dat.....	29
Tabulka 5.2 - Parametry funkce realizující tvorbu primitiv	31
Tabulka 5.3 - Parametry k-NN klasifikátoru	32
Tabulka 5.4 – Optimální podmnožina příznaků	39
Tabulka 5.5 – Hodnoty úspěšnosti klasifikace	41
Tabulka 5.6 – Matice záměn shrnující výsledek klasifikace primitiv	41
Tabulka 5.7 - Parametry funkce realizující finální úpravu středových linií žeber	43
Tabulka 5.8 - Parametry funkce realizující finální segmentaci žeber.....	45
Tabulka 6.1 – Úspěšnost segmentace žeber na databázi 10 CT skenů	48
Tabulka 6.2 – Kvantitativní hodnocení úspěšnosti segmentace žeber.....	48
Tabulka 6.3 – Srovnání dosažené úspěšnosti segmentace s ostatními autory	50

ÚVOD

Výpočetní tomografie je v posledních letech populární a hojně využívaná zobrazovací modalita. Se zlepšující se technologií se snižuje tloušťka jednotlivých řezů v tomografických datech a přímo úměrně tomu se navyšuje počet získaných snímků. Manuální vyhodnocení výsledků CT vyšetření lékařem může být časově náročné, z toho důvodu začaly vznikat automatické metody pro zpracování objemových dat lidského těla, mezi které může být mimo jiné zařazena i segmentace žebíř z hrudních CT skenů.

Automatické metody zpracování CT dat v blízké budoucnosti pravděpodobně zcela nezastanou diagnostickou (expertní) práci lékařů, avšak mohou jim jejich práci značně ulehčit. Vyšetření žebíř je jedním z příkladů podpory lékařské diagnostiky – žebro je podlouhlá struktura a v CT datech získaných standardním způsobem může procházet mnoha snímky (počet snímků je závislý na tloušťce řezu). Pro diagnostické vyšetření všech žebíř jednoho pacienta by bylo třeba postupně projít stovky snímků, což by bylo časově velmi náročné.

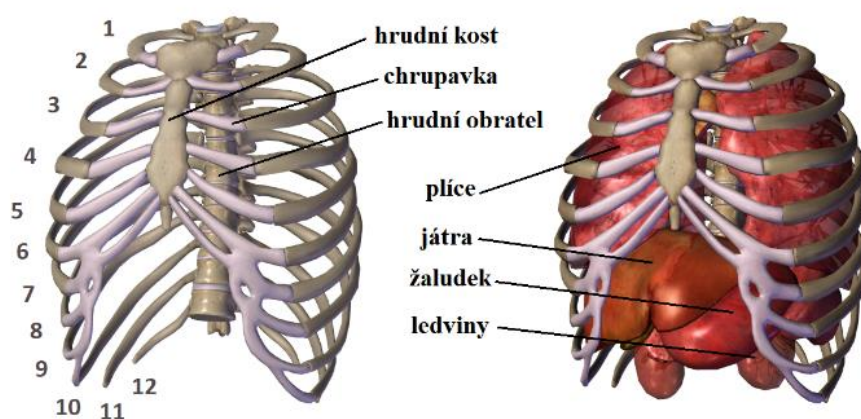
Vysegmentovaná žebra mohou sloužit například pro lepší vizualizaci hrudního koše při poranění hrudníku a jejich poloha může být využita pro následnou detekci dalších struktur lidského těla (obvykle vnitřních orgánů), ale především se segmentace žebíř uplatňuje při detekci anatomických abnormalit – nejčastěji metastáz, které na žebířech vznikají jako důsledek rakovinného onemocnění pacienta.

Součástí práce je krom potřebné teorie i popis algoritmu realizujícího automatickou segmentaci žebíř z hrudních CT dat, jenž sestává z několika zásadních kroků – ze vstupních dat jsou nejprve vyextrahovány středové linie veškerých kostí, které byly vysegmentovány pomocí prahování. Tyto linie jsou následně rozděleny na krátká primitiva, která jsou klasifikátorem rozdělena na ta, která jsou součástí žebíř a která nikoliv. Primitiva, která byla označena jako součást žebra se následně stávají počátečními body segmentační metody narůstání oblastí v trojrozměrném prostoru.

Výše popsáný přístup segmentace žebíř je implementován v programovacím prostředí Matlab. Úspěšnost segmentace je v této práci vyhodnocena na manuálně anotované databázi 10 hrudních CT skenů, které pocházejí z volně dostupné databáze RIDER Lung CT. Úspěšnost je hodnocena pomocí metrik senzitivity, specifity, MASD a Dice koeficientu. Dosažené výsledky jsou porovnány s výsledky publikovanými v člancích, které se zabývají obdobnou problematikou.

1 ANATOMIE HRUDNÍHO KOŠE

Hrudní koš sestává z několika různých kostí a slouží především jako ochrana vnitřních orgánů uložených v dutině hrudní, také zčásti umožňuje dýchání. Převážná část hrudního koše je tvořena 12 páry žebíř, jejich počátky jsou kloubně napojeny na hrudní páteř, konce některých z nich jsou chrupavkou připojeny k hrudní kosti. Mezi významné orgány uložené v hrudním koši patří srdce, plíce či játra. Také tudy prochází mnoho důležitých cév, z nichž nejvýznamnější je aorta. Na kosti hrudního koše se upíná mnoho svalů, například svaly mezižebířní. [1]



Obrázek 1.1 - Stavba hrudního koše [2]

Žebra

V hrudním koši člověka se nachází 12 párů žebíř (*Costae*), celkem tedy 24 žebíř, jednotlivé páry jsou označovány čísly 1 až 12. Každý pár žebíř je kloubně připojen na jeden z 12 hrudních obratlů. Žebra můžeme rozdělit do tří základních skupin – žebra pravá, nepravá a volná. Pravá žebra (1. – 7. pár) jsou chrupavkou připojena přímo na hrudní kost, nepravá žebra (8. – 10. pár) jsou chrupavkou spojena s předchozím párem žebíř a žebra volná (11. a 12. pár) nejsou spojena ani s hrudní kostí ani s jinými žebíř, nýbrž jsou volně zakončena mezi břišními svaly. [1]

Žebro můžeme rozdělit na 4 části – hlavu žebra, která je kloubně spojena s tělem hrudního obratle, krček – zúžení nacházející se za hlavou žebra, hrbolek žebra – ten slouží k připojení žebra na příčný výběžek hrudního obratle a tělo žebra, které na konci přechází v chrupavku. [1][3]

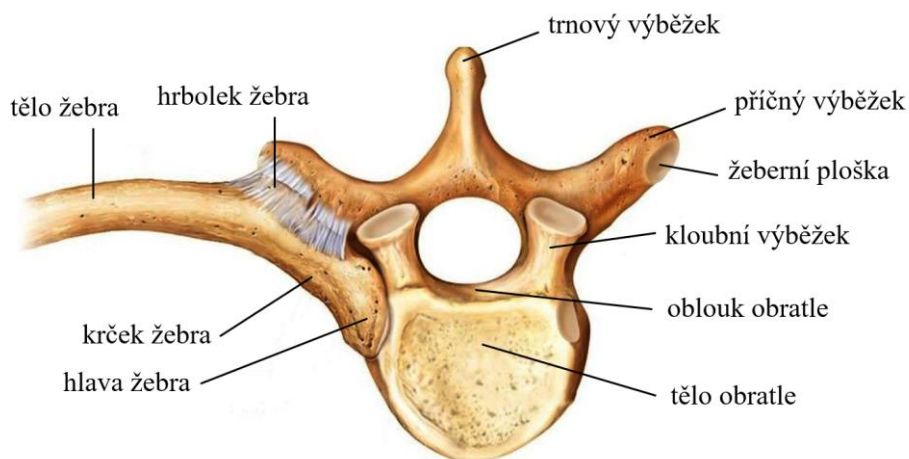
Žebra patří mezi kosti lamelární, pro ty je typické, že sestávají ze dvou typů tkání – kompaktní a spongiózní. Kompaktní (taktéž kortikální) tkáň žebra se nachází na jeho povrchu a je tvořena kostními lamelami složenými z osteocytů. Tato tkáň vytváří tvrdý vnější povrch žeber a zajišťuje jejich tvar a pevnost. Spongiózní (taktéž trabekulární) kostní tkáň má porézní, síťovitou strukturu a vyplňuje vnitřní část žebra, ohraničenou tkání kompaktní. Hustota tkáně kompaktní je mnohem vyšší než hustota tkáně spongiózní. [3]

Hrudní kost

Hrudní kost (*Sternum*) sestává ze 3 částí – rukojeti, těla a mečovitého výběžku. K rukojeti je chrupavkou připojen 1. a 2. pár žeber, taktéž je spojena s oběma klíčními kostmi. Tělo hrudní kosti je spojeno se zbylými pěti páry žeber, které se k této kosti připojují. [1]

Hrudní obratle

Počet hrudních obratlů (*Vertebrae*) je u člověka shodný s počtem párů žeber, tedy 12. Obratel můžeme rozdělit na tři části – tělo obratle, oblouk obratle a výběžky obratle. Tělo obratle je na horní i dolní straně zploštělé a navazují na něj meziobratlové ploténky. Oblouky obratlů vytváří páteřní kanál, ve kterém se nalézá mícha. Rozlišujeme tři typy obratlových výběžků – kloubní, příčné a trnové, které jsou jako jediné ze zmíněných nepárové. Jednotlivá žebra svými hrbolky nasedají právě na výběžky příčné, jak je patrné na obrázku 1.2 [1]



Obrázek 1.2 - Spojení žebra a hrudního obratle [4]

2 VÝPOČETNÍ TOMOGRAFIE

Rentgenová výpočetní tomografie (CT) je radiologická vyšetřovací metoda využívající rentgenového záření pro zobrazení vnitřních struktur těla pacienta. Na rozdíl od klasického rentgenového snímku – sumačního obrazu, je výstupem této modalitě série tomografických řezů vyšetřovaným objektem. [4]

Dnes jsou využívány především CT systémy třetí generace, u kterých zdroj rentgenového záření produkuje svazek paprsků tvaru vějíře. Tyto paprsky procházejí objektem, čímž dochází k jejich útlumu, který je závislý na hodnotě lineárního koeficientu zeslabení μ jednotlivých voxelů (elementárních objemů, které vznikají v důsledku diskretizace objemu scény), kterými paprsek prochází. Prošlé záření dopadá na pole detektorů – obvykle CCD čipů, které zaznamenávají jeho intenzitu. Po nasnímání jedné projekce scény se soustava zdroj-detektor pootočí o přesně definovaný úhel a scénu nasnímá znovu, souběžně s rotací soustavy se pacient pomalu posouvá ve směru kolmém na vějíř paprsků. Tak je získán soubor projekcí, ze kterého mohou být s využitím inverzní Radonovy transformace rekonstruovány samotné tomografické řezy. [4][6]

2.1 CT data

Jelikož lineární koeficient zeslabení není příliš názorný a je silně závislý na energii použitého rentgenového záření (což je nežádoucí), je ve výstupních CT datech míra absorpce rentgenového záření jednotlivými voxely vyjádřena pomocí Hounsfieldovy jednotky (CT čísla), které udává míru absorpce záření vztaženou k absorpci vody:

$$CT\ number = 1000 \cdot \frac{\mu - \mu_V}{\mu_V} \quad (1)$$

kde μ je koeficient zeslabení pro konkrétní voxel a μ_V je koeficient zeslabení vody ($\mu_V = 0,22\ cm^{-1}$). Dosadíme-li do rovnice (1) za μ hodnotu $0,22\ cm^{-1}$, získáme hodnotu 0 – CT číslo pro vodu. [4][6]

CT čísla různých částí lidského těla mohou nabývat hodnot od -1000 HU (vzduch či vakuum) až do zhruba 3000 HU (kompaktní kost) [4]. CT čísla plic a tuku se pohybují v rozmezí od -200 HU do 0 HU, ostatní měkké tkáně lidského těla obvykle nabývají kladných hodnot HU. Při zobrazení CT dat je každému CT číslu přiřazen konkrétní odstín šedi, vizualizované řezy CT daty jsou tedy z principu šedotónové. [6]

2.2 Datové formáty

Výsledný trojrozměrný obraz snímaného objektu může být uložen v různých datových formátech, například ve formátu RAW, DICOM, NIFTI či sekvenci TIFF/PNG obrazů. Nejjednodušším datovým typem pro ukládání CT dat je formát RAW – v něm jsou hodnoty jednotlivých voxelů ukládány jedna za druhou. Pro následnou práci s daty v RAW formátu je třeba znát rozměry původních dat, ty jsou společně s dalšími informacemi (například počtem dimenzí či bitovou hloubkou obrazu) uvedeny v doplňujícím souboru s příponou MHD. [6]

Nejvíce využívaným formátem pro práci s CT daty je dnes formát DICOM (Digital Imaging and Communications in Medicine) – datový typ, který se v medicíně stal standardem pro zobrazení, přenos i archivaci obrazových dat. Charakteristickým rysem DICOM souboru je jeho hlavička obsahující metadata – podrobné informace o uložených datech, o pacientovi nebo o typu jeho vyšetření. Samotná obrazová data jsou pak uložena v celočíselném formátu. Jeden soubor DICOM může obsahovat celou sekvenci obrazových dat. Data mohou být uložena bez komprese (vhodnější varianta), podporovány jsou však i kompresní formáty, například JPEG či MPEG2. [4][7]

2.3 CT vyšetření

CT vyšetření poskytuje informaci o vnitřní struktuře těla pacienta. Samotné vyšetření je velmi rychlé, bezbolestné a neinvazivní. Během CT vyšetření může být pacientovi do cévního řečiště aplikována kontrastní látka, díky níž jsou ve výsledných snímcích zřetelné cévy a orgány, ve kterých se tato látka nachází. CT vyšetření mohou být rozdělena na diagnostická a traumatologická. [6]

CT vyšetření hrudníku pro pacienta (na rozdíl od RTG či UZV) představuje poměrně velkou radiační zátěž (v závislosti na typu vyšetření, obvykle mezi 10 a 20 mSv [8]). Ve srovnání se zmíněnými zobrazovacími metodami však CT vyšetření poskytuje výsledky, které jsou leckdy pro správné stanovení diagnózy nezbytné. Podobné výsledky jako CT poskytuje i MRI vyšetření, to však ve srovnání s CT trvá mnohonásobně déle, proto bývá CT vyšetření primární volbou u akutních, traumatologických případů. [6][13]

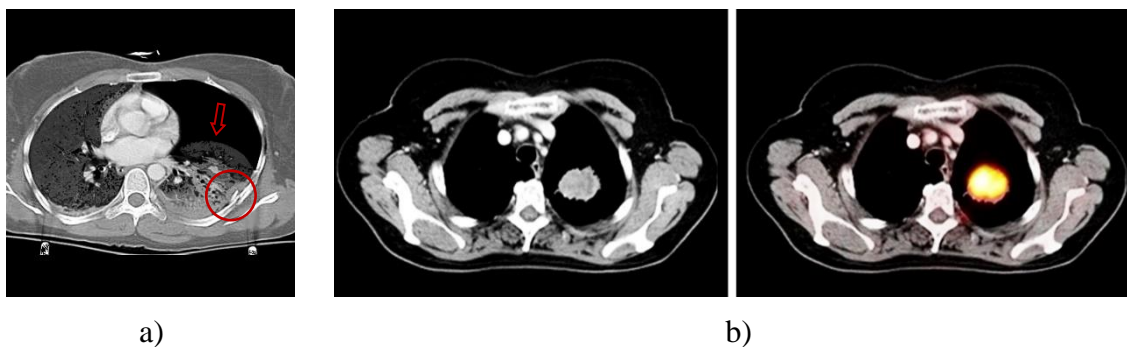
Dávka rentgenového záření použitá pro vyšetření musí být vždy nastavena individuálně pro každého pacienta a dle konkrétního typu vyšetření. Některá vyšetření mohou být provedena s využitím malé dávky rentgenového záření, v takovém případě hovoříme o „low dose CT“. Snímky získané touto technikou jsou oproti snímkům

získaným standartním způsobem ve větší míře zatíženy Poissonovým šumem, proto je vždy nutné najít kompromis mezi množstvím aplikovaného záření a dostatečně kvalitními výstupními snímky. [8][14]

CT vyšetření hrudníku

Traumatologické vyšetření s využitím výpočetní tomografie může být provedeno při podezření na jakékoliv vnitřní poranění hrudníku či orgánů v něm uložených. Odhalit může například vnitřní krvácení, poranění srdce či plic nebo zlomeniny kostí hrudního koše (Obrázek 2.1 a)).

Častější jsou však vyšetření diagnostická. Výpočetní tomografie je metoda vhodná pro diagnózu rakovinných onemocnění, proto je často využívána pro lokaci a hodnocení rozsahu nádorů v těle pacienta. Jako velmi přínosné se ukázalo propojení výpočetní tomografie s pozitronovou emisní tomografií (PET), kdy výsledný obraz vzniká fúzí dílčích výstupů obou modalit, což poskytuje informace jak o přítomnosti, tak i o přesné lokaci případného nádorového onemocnění (Obrázek 2.1 b)). V oblasti hrudního koše jsou nejčastěji rakovinným onemocněním postiženy plíce, přičemž v pokročilém stádiu tohoto onemocnění vznikají metastázy na kostech (obvykle na žebrech a obratlích). [9][10]



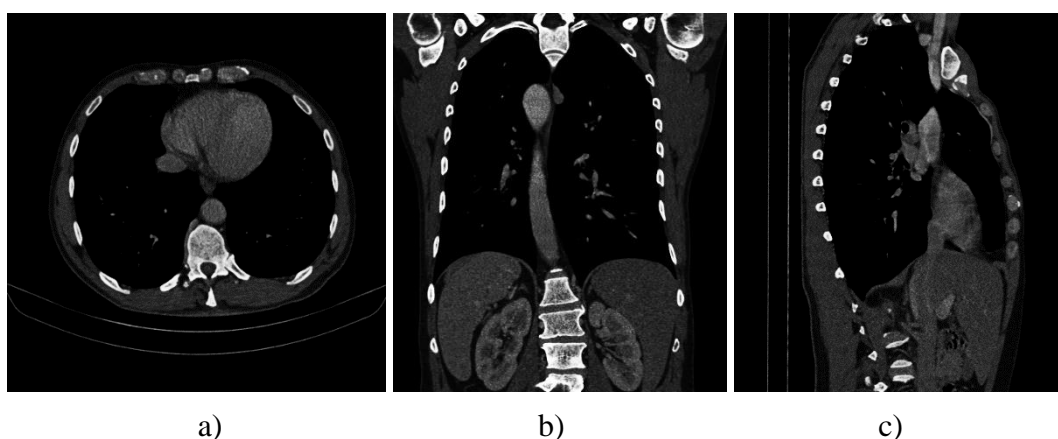
Obrázek 2.1 – Typické patologie v hrudních CT datech [10][11]

(a) Pneumotorax a zlomenina žebra **(b)** Nádor na plicích (CT snímek / fúze PET a CT snímku)

Diagnostické CT vyšetření hrudníku může být taktéž využito při detekci zúžení (případně blokace) koronárních cév, při onemocnění plic nebo dýchacích cest (například zápal plic, tuberkulóza či cystická fibróza), při zánětlivých onemocněních (hledání ložiska infekce) či při chronických onemocněních s příznaky jako je bolest na hrudi, kašel nebo dušnost. CT vyšetření může být využito i jako pomocné vyšetření v průběhu operace (například při zavádění nástrojů do těla pacienta) nebo při biopsiích (odběr vzorku tkáně pro následný laboratorní rozbor). V neposlední řadě může být CT vyšetření provedeno jako pomocné vyšetření při plánování radiační terapie. [9][10]

2.4 Zobrazení žeber v CT datech

Jak již bylo zmíněno výše, žebra mají podlouhlý tvar, a proto mohou v CT datech procházet mnoha řezy, přičemž průřez jedním žebrem může v jednotlivých snímcích vypadat dosti odlišně. Zásadní je taktéž to, z jaké roviny na hrudní CT data nahlížíme, rozlišujeme tři základní roviny lidského těla – transverzální (pohled shora), koronální (pohled zepředu) a sagitální (pohled ze strany), přičemž nejčastěji se setkáváme s CT řezy z roviny transverzální. Jednotlivé pohledy jsou nastíněny na obrázku 2.2.



Obrázek 2.2 - Řezy CT daty v různých rovinách

(a) Řez v transverzální rovině (b) Řez v koronální rovině (c) Řez v sagitální rovině

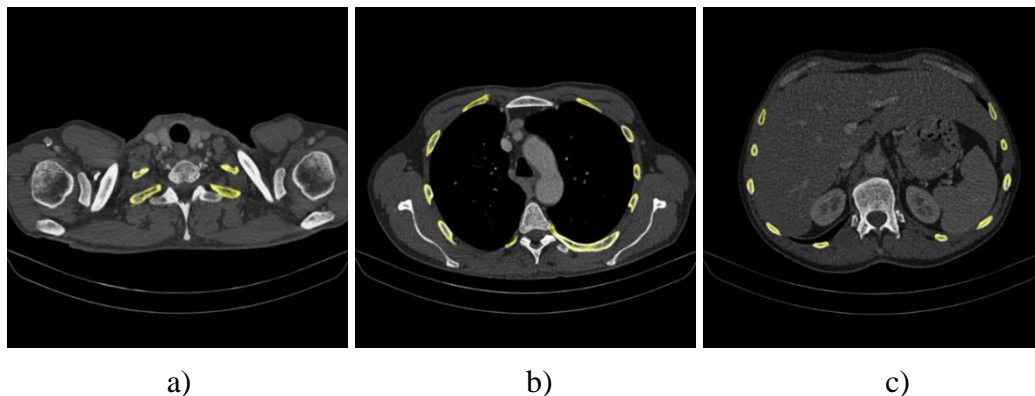
Jelikož kompaktní tkáň na povrchu žebra má vyšší hustotu než spongiózní tkáň v jeho vnitřní části, je lineární součinitel útlumu rentgenového záření obou typů tkání odlišný, což se projeví při zobrazení žeber v průřezu. Vnější okraje žeber, pohlcující více záření, jsou v CT snímcích jasnější než jejich vnitřní části, které pohlcují procházejícího rentgenového záření méně. Proto se žebra v CT datech mohou jevit jako dutá i když tomu tak ve skutečnosti není.

V CT snímcích hrudního koše jsou kromě žeber taktéž patrné jednotlivé obratle, lopatky, klíční kosti a kosti hrudní (případně kostra horních končetin). Rozeznat můžeme samozřejmě i většinu vnitřních orgánů, z nichž nejvýraznější jsou plíce. Při použití kontrastní látky jsou viditelné i jednotlivé cévy.

Obecně mají žebra v jednotlivých snímcích oválný (elipsovitý) tvar. Odlišný tvar mohou mít žebra ve snímcích, ve kterých se připojují k obratlům či ke kosti hrudní nebo ve snímcích, ve kterých jsou patrné patologie. Podobný tvar jako žebra mohou mít v řezu výběžky obratlů a klíční kosti.

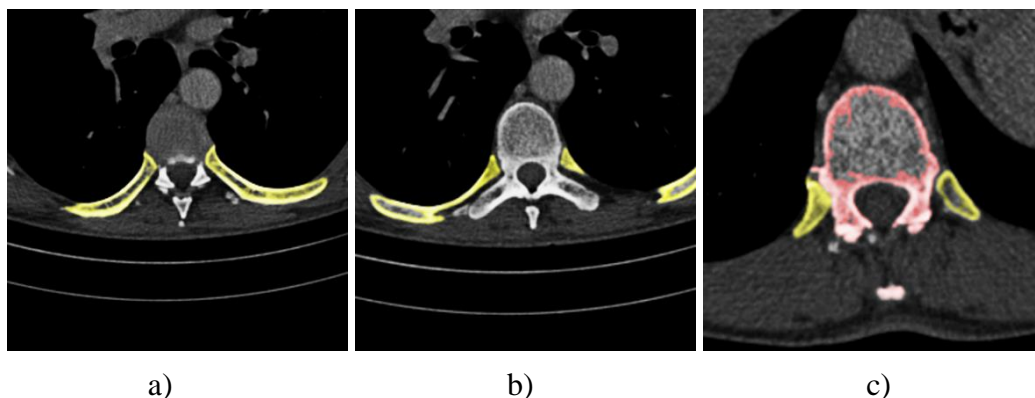
Žebra v transverzálních řezech

Dvojrozměrné řezy trojrozměrnými CT daty v transverzální rovině jsou považovány za standartní zobrazení CT dat, a právě z těchto snímků obvykle lékař prvotně vyvozuje výsledek tomografického vyšetření. V případě, že je v řezech zrekonstruovaných v transverzální rovině něco nejasné či něco není zřejmé, prohlédne si lékař i řezy ve zbylých dvou rovinách.



Obrázek 2.3 - Transverzální řezy CT daty z oblasti 1., 6. a 12. hrudního obratle

Pro posuzování žebíř v CT datech jsou transverzální řezy vhodné z toho důvodu, že žebra mají v jednotlivých snímcích obdobný tvar, nehledě na to, z jaké části hrudního koše snímek pochází. Na obrázku 2.3 jsou zobrazeny hrudní CT snímky z oblasti prvního, šestého a dvanáctého hrudního obratle, přičemž žebra jsou v nich žlutě zvýrazněna. Ve všech těchto snímcích mají žebra podobný, zaoblený tvar. Výjimkou mohou být ta žebra, která se připojují k páteři.

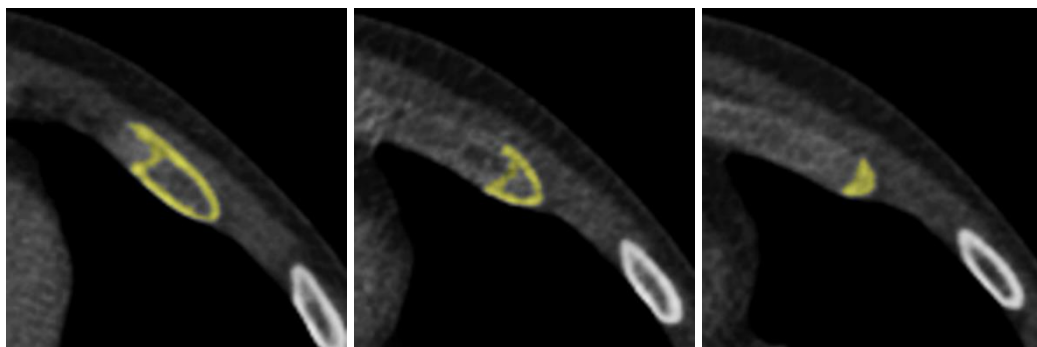


Obrázek 2.4 - Připojení žebíř k obratlům (transverzální řez)

Na obrázku 2.4 je zachycen odlišný tvar žebíř připojujících se k jednomu z hrudních obratlů. V těchto snímcích mají žebra protáhlý, zahnutý tvar (Obrázek 2.4 a)). Prohnutí žebíř vycházející z jejich anatomie může ve snímku vést i k rozdělení jednoho žebíř na dvě části, jak je znázorněno vpravo na obrázku 2.4 b) vpravo. Zde je taktéž

patrné vykrojení levého žebra v jeho dolní části, a to z důvodu jeho spojení s příčným výběžkem hrudního obratle. Obrázek 2.4 c) potom zobrazuje situaci, kdy je obtížné rozpoznat, kde končí hranice žebra a začíná hranice obratle. Obě kosti mají ve snímku téměř totožnou intenzitu jasu a zřetelná hranice mezi nimi víceméně neexistuje.

Odlišně také vypadají snímky zachycující zakončení žeber, respektive jejich připojení k hrudní kosti či k předešlému žebro. V sérii takových snímků nejdříve dochází ke zploštění žebra z jedné strany a následně se žebro plynule zmenšuje až zcela vymizí (Obrázek 2.5). Jelikož žebra jsou k hrudní kosti připojena poměrně silnou vrstvou chrupavky, která má mnohem nižší hustotu než kost (pokud není chrupavka kalcifikovaná), jsou ve snímcích konce žeber od kosti hrudní zřetelně oddělené a jejich segmentace není tak problematická, jako segmentace jejich počátků.



Obrázek 2.5 - Zakončení žeber v transverzálních řezech

Podobný tvar, jako mají žebra, mohou mít v transverzálních řezech příčné výběžky obratlů a klíční kosti. Problematické může být označení žeber především ve snímcích z horní části hrudního koše (Obrázek 2.3 a)), kde se nacházejí zmíněné klíční kosti a není zde zcela zřejmé, zdali přítomné útvary reprezentují část žebra, či nikoliv.

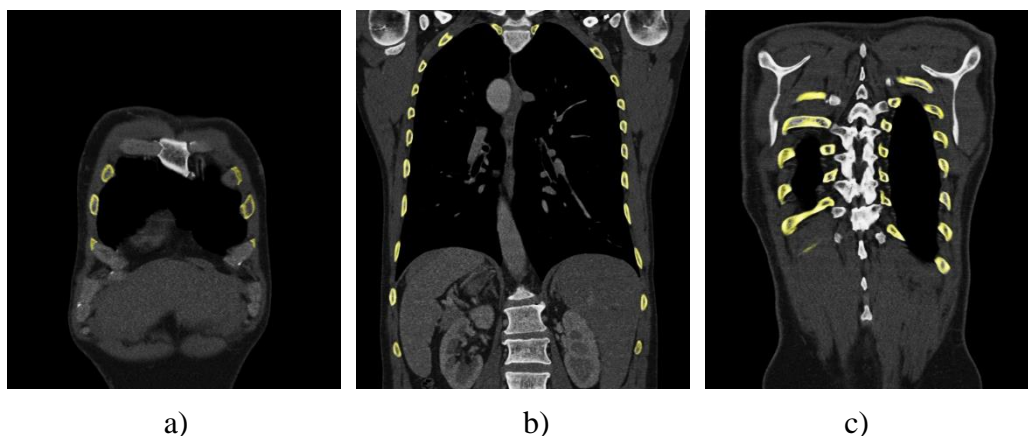
Žebra v koronálních řezech

Narozdíl od řezů v rovině transverzální se tvar žeber v řezech zrekonstruovaných v rovině koronální odvíjí od toho, z jaké části hrudního koše konkrétní snímek pochází (Obrázek 2.6).

Ve snímcích z oblasti hrudní kosti jsou patrná zakončení žeber, která plynule přecházejí v chrupavku, kterou jsou žebra připojena ke kosti hrudní. V těchto řezech je viditelných pouze několik párů žeber, která mají pro žebra typický, zaoblený tvar.

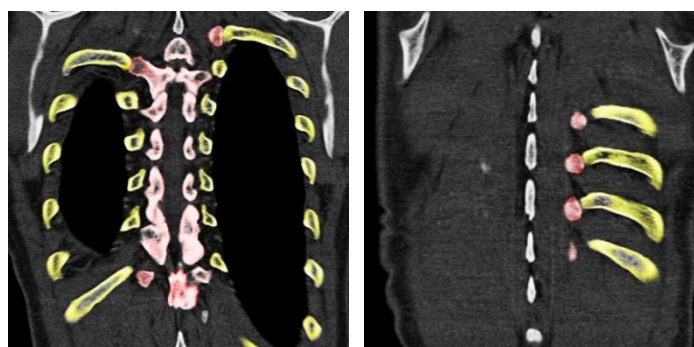
Koronální řezy pocházející zhruba z poloviny hloubky hrudního koše mají tu výhodu, že v nich je patrná většina žeber (obvykle lze vidět 11 párů žeber) a všechna mají podobný, oválný tvar.

V řezech pocházejících z oblasti páteře dochází k pozvolné změně tvaru jednotlivých žebíř a je zde patřné i připojení k obratlům. Žebíř v těchto snímcích mají protáhlý, podlouhlý tvar a mohou být plícemi rozdělena na dvě části.



Obrázek 2.6 – Koronální řezy CT daty s označenými žebíř
(a) Řez z oblasti hrudní kosti (b) Řez z oblasti středu hrudního koše (c) Řez z oblasti páteře

Připojení žebíř k páteři v koronálních snímcích je zachyceno na obrázku 2.7, kde jsou žebíř označena žlutě a obratle červeně. Většina řezů jedním z žebíř zde sestává ze dvou částí obdobného tvaru, což opět vychází z anatomické stavby a tvaru žebíř. Na obrázku 2.7 vlevo je vidět, jak počátek žebíř nasedá na tělo obratle, zatímco na obrázku 2.7 vpravo je zachyceno spojení počátků žebíř s příčnými výběžky obratlů.

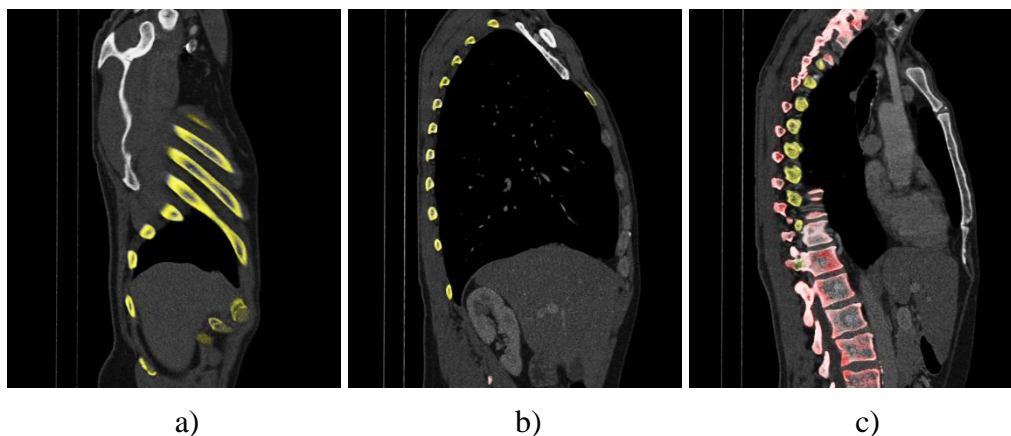


Obrázek 2.7 – Připojení žebíř k páteři v koronálních řezech

Žebíř v sagitálních řezech

Zobrazení hrudních CT dat v sagitální rovině je zajímavé tím, že data jsou snímkem, který prochází středem páteře, rozdělena na dvě podobné, zrcadlově převrácené části. Obdobně jako u snímků v transverzální rovině, můžeme i v řezech roviny sagitální nalézt snímky, v nichž je zobrazena převážná část žebíř (Obrázek 2.8 b)), avšak s tím rozdílem, že v sagitálních snímcích je možné zachytit vždy pouze levá, respektive pravá žebíř.

Při procházení sagitálních snímků hrudního koše mají řezy žebry zprvu podlouhlý tvar, který se následně z důvodu jejich prohnutí dělí na dvě menší, zaoblené části (Obrázek 2.8 a)), přičemž část žebra na ventrální (břišní) straně pozvolně přechází v zakončení žebra (chrupavku), zatímco část na straně dorsální (hřbetní) se připojuje k páteři (Obrázek 2.8 c)).



Obrázek 2.8 – Žebra v sagitálních řezech

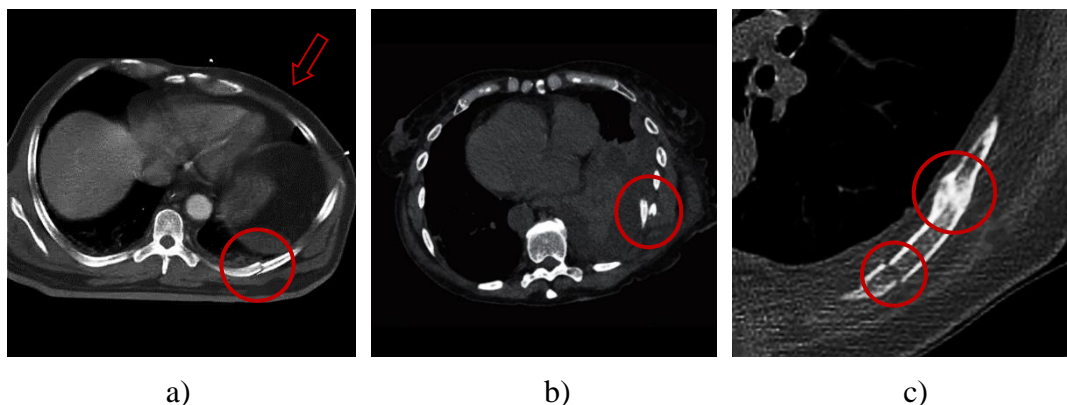
Připojení žeber k páteři není v sagitálních snímcích příliš názorné, jelikož počátky žeber v těchto snímcích splývají s těly jednotlivých obratlů a výběžky obratlů mají velmi podobný tvar jako žebra (Obrázek 2.8 c)).

Patologie žeber v CT snímcích

Mezi běžně se vyskytující patologie žeber, patrné v hrudních CT snímcích, patří především zlomeniny žeber a nádory na žebrech. Viditelné mohou být v CT snímcích taktéž abnormality ve tvaru či počtu žeber.

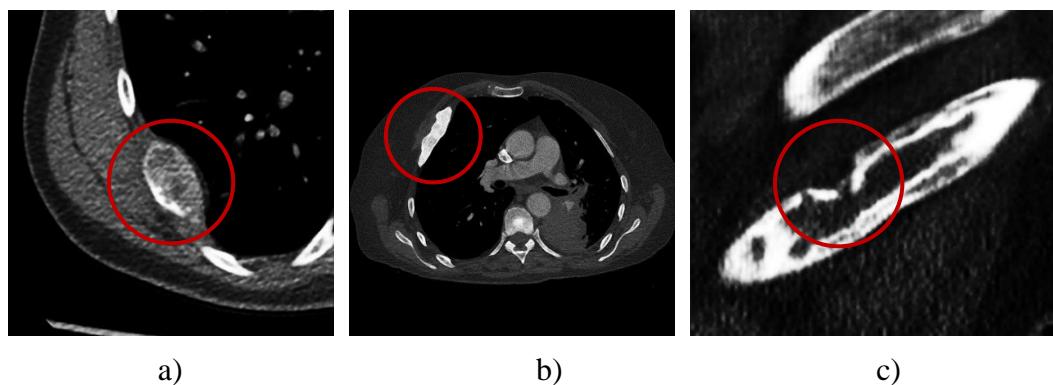
Zlomeniny žeber vznikají obvykle vlivem přímého působení síly na vnější stěnu hrudního koše (například při pádu) nebo při průniku cizího, ostrého tělesa do hrudního koše. Nejnáchylnější ke zlomení je čtvrtý až desátý pár žeber. První tři páry žeber jsou krátké, robustní a pevné, poslední dva páry jsou volné a mobilní, proto je jejich zlomení méně pravděpodobné. U starších pacientů mohou zlomeniny žeber vyústit až k úmrtí, u mladších pacientů nebývá toto poranění příliš závažné. Zlomeniny žeber mohou být diagnostikovány z rentgenových i ultrazvukových snímků, CT vyšetření je však v tomto směru považováno za zlatý standard a na rozdíl od zmíněných zobrazovacích modalit umožňuje diagnostikovat i zlomeniny, které z rentgenových či ultrazvukových snímků nejsou patrné. [8][11]

Na obrázku 2.9 a) je patrná zlomenina žebra a celková deformace hrudního koše, obrázek 2.9 b) zachycuje zlomeninu žebra, při které došlo k uvolnění a pohybu úlomků žebra a na obrázku 2.9 c) jsou pak zachyceny zlomeniny dvě – nová a již zahojená zlomenina téhož žebra. [11]



Obrázek 2.9 – Zlomeniny žebra v CT snímcích [11]
 (a) Zlomenina žebra a deformace hrudníku (b) Posun úlomků zlomeného žebra
 (c) Nová (dole) a zahojená (nahore) zlomenina téhož žebra

Prevalence nádorového onemocnění žebra se v populaci pohybuje v rozmezí mezi 3 až 8 %, přičemž nádory mohou být rozděleny na maligní (zhoubné) a benigní (nezhoubné). Mezi nejčastěji se vyskytujícími zhoubnými nádory na žebrech patří metastázy a myelomy, z nádorů nezhooubných je to pak fibrózní dysplazie. Nádorovým onemocněním mohou být postiženy jak chrupavky připojující žebra k jiným kostem, tak i samotná těla žebra. V důsledku narušení celistvosti kostní tkáně nádorovým onemocněním mohou být žebra náchylnější ke zlomeninám. [12]



Obrázek 2.10 – Nádory na žebrech v CT snímcích [12]
 (a) Plazmocelulární myelom (b) Metastáza (c) Fibrózní dysplazie

Obrázek 2.10 a) zachycuje plazmocelulární myelom postihující obvykle kostní dřev, na obrázku 2.10 b) je zobrazena metastáza – druhotné ložisko nádoru, které na žebře vzniklo v důsledku rakoviny prostaty. Na obrázku 2.10 c) je patrné postižení žebra fibrózní dysplazií, která se projevuje lézí expandující podél osy žebra. [12]

3 SEGMENTAČNÍ TECHNIKY A PŘÍSTUPY K SEGMENTACI ŽEBER

Informace týkající se segmentace obrazu obsažené v následující podkapitole byly převzaty ze zdrojů [4] a [15]. Segmentace je jedním z klíčových kroků analýzy obrazu. Jejím cílem je obraz rozdělit do nepřekrývajících se oblastí, které by měly korespondovat s obsahem analyzovaného obrazu. Výstupem segmentace může být binární obraz (jedničky označují oblast zájmu, nuly pozadí) nebo původní obraz s alespoň dvěma ohraničenými či jinak zvýrazněnými oblastmi $\{R_1, R_2, \dots, R_S\}$, které jsou vzájemně disjunktní:

$$R_i \cap R_j = \emptyset, i \neq j \quad (2)$$

a zcela pokrývají analyzovaný obraz:

$$R = \bigcup_{i=1}^S R_i. \quad (3)$$

3.1 Přehled segmentačních technik

Existuje řada způsobů, jak segmentaci obrazu realizovat. Podle přístupu mohou být segmentační metody rozděleny na regionově orientované segmentace, hranově orientované segmentace a segmentace využívající kontury. Některé segmentační metody nelze přesně zařadit do jedné z uvedených skupin, příkladem je metoda rozvodí, která se nachází na pomezí prvních dvou zmíněných přístupů. Typickým příkladem regionově orientované segmentace je prahování obrazu, metoda dělení a slučování oblastí nebo metoda narůstání oblastí. Hranově orientovanou metodou segmentace je například Houghova transformace, která je vhodná pro nalezení známých geometrických útvarů v obraze (například přímek či kružnic). Kontury můžeme rozdělit na dva základní typy – aktivní a pružné.

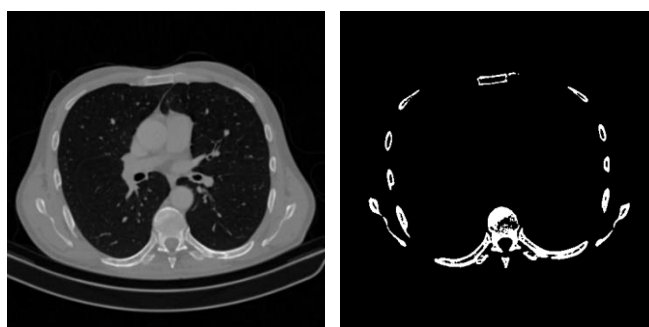
V praktické části této práce jsou využity dvě metody ze skupiny regionově orientovaných segmentací (prahování obrazu a narůstání oblastí). Hlavním kritériem těchto metod je homogenita (stejnorodost) oblastí, přičemž parametrem homogenity může být například jas, barva či textura oblasti. Oblast je označena jako homogenní, neliší-li se hodnota parametru všech pixelů dané oblasti o více než předem stanovenou konstantu.

3.1.1 Prahování obrazu

Nejjednodušší metodou segmentace je prahování obrazu na základě intenzity jasu. Pro samotné prahování je využita transformační funkce, pomocí níž je hodnota jasu jednotlivých pixelů vstupního obrazu $g(i, j)$ transformována na hodnotu výstupní:

$$f(i, j) = \begin{cases} 1 & \text{pro } g(i, j) \geq T \\ 0 & \text{pro } g(i, j) < T \end{cases} \quad (4)$$

Pixely s hodnotami parametru nižšími než práh T jsou označeny jako pozadí (hodnota 0), zatímco pixely s nadprahovou hodnotou představují vysegmentovanou oblast (hodnota 1), výstupní obraz $f(i, j)$ je tedy binární (Obrázek 3.1 vpravo).



Obrázek 3.1 - Hrudní CT snímek a jeho segmentace získaná prahováním

Obdobně může být provedeno prahování s více prahy. Při použití dvou různých prahů bude výstupní obraz rozdělen buď do tří oblastí nabývajících hodnot 0, 1 a 2 (šedotónový obraz) nebo do dvou oblastí s hodnotami 0 a 1 (binární obraz) za předpokladu, že pixelům, jejichž hodnota parametru se nachází v rozmezí definovaném oběma prahy, je přiřazena hodnota 0, zatímco pixelům jejichž hodnota parametru leží vně zmíněného intervalu je přiřazena hodnota 1 (popřípadě obráceně). Další modifikací této metody je částečné prahování (poloprahování), při kterém jsou ve výstupním obraze podprahové hodnoty nahrazeny nulami a nadprahovým pixelům je ponechána jejich původní hodnota.

Hodnota prahu je pro správnost segmentace klíčová. Určena může být několika způsoby, například experimentálně, z histogramu nebo s využitím znalosti o analyzovaném obrazu. Při volbě prahu s využitím histogramu je vhodné práh stanovit v poloze lokálního minima mezi dvěma maximy bimodálního histogramu. Víme-li, že objekt, který má být vysegmentován, zaujímá například 20 % z celkové plochy obrazu, můžeme práh nastavit tak, aby bylo právě 20 % plochy histogramu odděleno od jeho zbytku prahem. Je-li hodnota prahu pro různé části obrazu proměnná, mluvíme o takzvaném adaptivním prahování.

3.1.2 Narůstání oblastí

Prvním krokem metody narůstání oblastí (*anglicky Region Growing*) je stanovení výchozího bodu (Obrázek 3.2 a)), takzvaného semínka (seedu) a poté se opakuje následující proces: pro každý bod nově vznikající oblasti (v prvním kroce pro semínko) jsou kontrolovány pixely v okolí tohoto bodu. Může být kontrolováno buď 4-okolí (pixely spojené s referenčním bodem hranou) nebo 8-okolí (pixely spojené s referenčním bodem hranou či vrcholem). Parametr p_C každého pixelu z okolí (kandidáta pro přidání do oblasti) je porovnáván s parametrem referenčního bodu p_{REF} a pokud splňuje podmínku:

$$|p_{REF} - p_C| \leq T \quad (5)$$

tedy neliší-li se pixely o více než je stanovený práh T , je tento bod přidán k vysegmentované oblasti (Obrázek 3.2 b)). Parametrem pixelu může být například jeho jas či lokální rozptyl. [4] Segmentace je ukončena v okamžiku, kdy už v obraze nejsou žádné body, které by vyhovovaly definovanému kritériu a mohly tak být přidány k vysegmentované oblasti (Obrázek 3.2 c)).

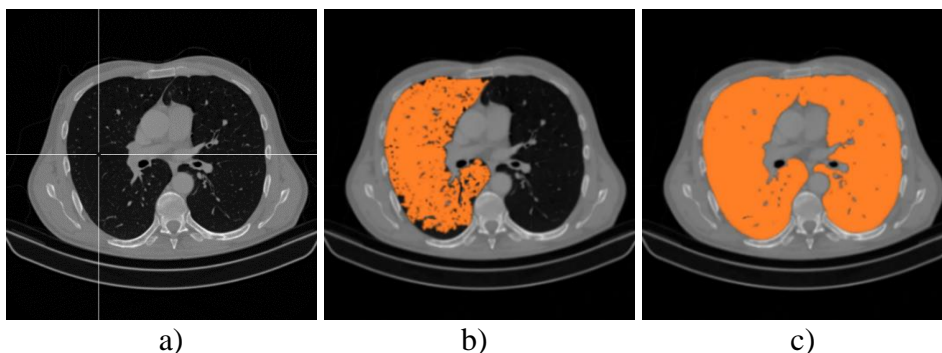
Kritérium pro přidání bodu k vysegmentované oblasti může být buď statické nebo dynamické. Statické kritérium je popsáno rovnicí 5, v případě dynamického kritéria je hodnota parametru kandidáta p_C porovnáván buď s parametrem posledního bodu (p_{NEW}) přidaného do oblasti:

$$|p_{NEW} - p_C| \leq T \quad (6)$$

nebo se střední hodnotou parametru (p_{MEAN}) bodů již vysegmentované oblasti:

$$|p_{MEAN} - p_C| \leq T, \quad (7)$$

což do procesu segmentace vnáší určitou míru tolerance vůči pozvolným změnám hodnoty parametru (jasu), čímž lze eliminovat například vliv nerovnoměrného osvětlení objektu, který má být vysegmentován.



Obrázek 3.2 – Kroky metody narůstání oblastí

(a) Volba polohy seedu (b) Částečně vysegmentované plíce (c) Finální segmentace plic

3.2 Přístupy k segmentaci žeber

Existuje mnoho přístupů, které mohou realizovat segmentaci žeber z trojrozměrných CT dat, výstupem většiny z nich jsou pouze vysegmentovaná žebra (ideálně všech 12 párů), některé přístupy však poskytují žebra připojená k páteři, což může být nežádoucí. Součástí segmentace žeber může být i číslování jednotlivých párů žeber.

Metody segmentace mohou být rozděleny podle mnoha kritérií, například na metody zcela automatické a poloautomatické, metody pracující se vstupními daty jako s celkem a metody využívající pouze jednotlivé řezy daty nebo metody, které pro segmentaci potřebují již dříve označená data (učení s učitelem), či nikoliv.

V následujících kapitolách je popsáno několik publikovaných metod segmentace žeber, které jsou odlišné svým přístupem, výpočetní náročností i úspěšností segmentace.

3.2.1 Metoda založená na procházení koronálních řezů

Principem metody založené na rekursivním procházení řezů je hledání jednotlivých žeber v okolí vnější kontury plic v koronálních řezech CT daty. Autoři článku [16] uvádějí, že tato metoda je vhodná pro data, která byla získána CT vyšetřením typu „low dose“ a tudíž by popsaná metoda měla být robustní vůči šumu přítomnému v CT snímcích. Algoritmus založený na tomto přístupu segmentace žeber správně označil 94,5 % všech voxelů, které byly odborníky v referenčních datech označeny jako součást žebra.

Ještě před zahájením segmentace jsou vstupní data předzpracována – nejprve jsou převzorkována na standardní rozměr ($512 \times 512 \times$ počet řezů) a následně vyhlazena mediánovým filtrem, který by měl eliminovat šum v jednotlivých řezech.

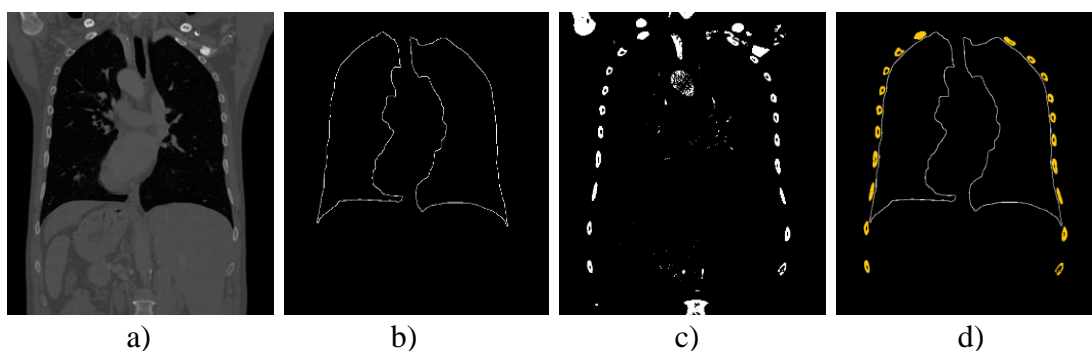
Prvním krokem samotné segmentace žeber je extrakce kontury plic – data jsou nejprve naprahována (hodnota prahu je rovna -500 HU), následně je na data aplikována morfologická operace uzavření, díky které dojde k vyplnění případných mezer v plicní tkáni a nakonec je na základě znalosti velikosti gradientu nalezena vnější kontura plic (Obrázek 3.3 b)).

Následně je zpracován prostřední (256.) koronální řez daty (Obrázek 3.3 a)), ve kterém by mělo být patrných alespoň deset párů žeber a naopak, neměla by zde být přítomna ani páteř, ani kost hrudní či lopatky. Celá data jsou tentokrát naprahována prahem o hodnotě 1 110 HU, čímž je získána segmentace kostí (Obrázek 3.3 c)). Malé objekty, které byly označeny jako popředí spolu s kostmi jsou z řezu odstraněny, stejně

tak jako objekty příliš velké (například obratle). Poté jsou ve zmíněném řezu detekovány elipsovité útvary na vnější straně kontury plic a pozice jejich středů jsou uloženy jako referenční pozice žebor v koronálních snímcích (Obrázek 3.3 d)).

Po zpracování prostředního řezu jsou postupně prohledávány řezy v obou směrech, nejprve v dorsálním směru (dozadu k páteři), poté ventrálním směrem (dopředu ke kosti hrudní), přičemž je vždy prohledáváno okolí referenční polohy žebra získané v předešlém kroce. Střed nově nalezeného žebra se stává referenční polohou pro detekci žebra v řezu následujícím. Hrudní kost ani páteř by díky svému tvaru a lokaci neměly být označeny jako žebro. Posledním krokem je kontrola počtu nalezených žebor a případné prohledání prostoru pod posledním nalezeným párem žebor, protože jedenáctý a dvanáctý pár nemusel být patrný v prostředním řezu, a proto mohl zůstat nepovšimnutý (navíc se nemusí nacházet v těsné blízkosti kontury plic).

Výhoda této metody spočívá především v její krátké výpočetní době, nízké výpočetní náročnosti a celkové jednoduchosti. Naopak nevýhodou je, že celá detekce žebor je založena na výsledku zpracování jednoho konkrétního snímku a v případě, že je v tomto snímku přítomna určitá abnormalita (například chybějící žebro či přítomnost kontrastní látky), algoritmus pravděpodobně selže. Další nevýhodou je i poměrně nespolehlivá detekce 11. a 12. páru žebor.



Obrázek 3.3 – Dílčí kroky metody založené na procházení koronálních řezů
 (a) 256. koronální snímek (b) Kontura plic (c) Kostní tkáň vysegmentovaná pomocí prahování snímku
 (d) Vysegmentovaná žebra v okolí kontury plic (žlutě)

3.2.2 Metoda založená na detekci páteřního kanálu

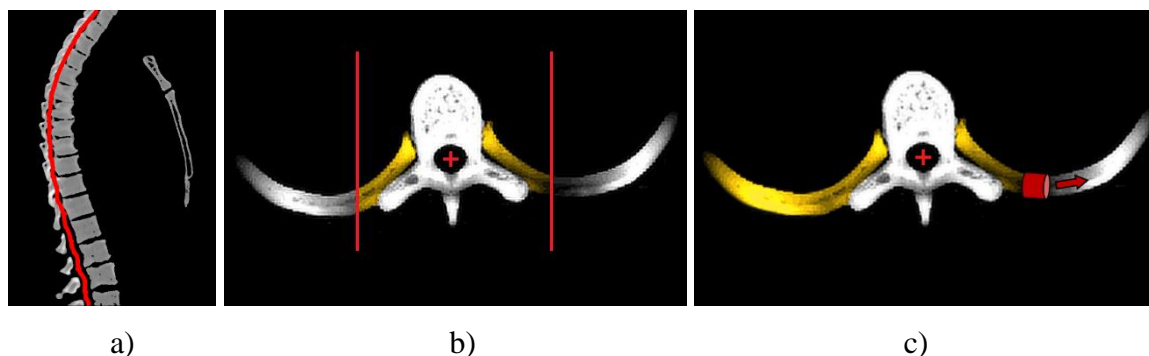
Jak již název napovídá, charakteristickým rysem této metody segmentace žebor je trasování páteřního kanálu, od kterého se odvíjejí další kroky postupu. Detailní popis tohoto přístupu je k dispozici ve článku [17]. Jeho autoři uvádějí, že tento algoritmus v testovacím souboru 110 hrudních CT skenů správně označil 2 600 žebor z celkového počtu 2 632 žebor, tedy více než 98 % veškerých žebor.

Předzpracování vstupních dat spočívá v aplikaci lineárního filtru, založeného na průměrování oblasti pomocí masky o velikosti 3x3 pixely, na jednotlivé CT snímky, což má za následek redukci případného šumu v obraze.

Následně jsou z CT dat vysegmentovány veškeré kosti metodou prahování, autoři článku [17] pro tento účel zvolili hodnotu prahu 1 175 HU. Po naprahování jsou z CT dat na základě anatomických znalostí odstraněny objekty o objemu menším než 4,5 cm³, které s největší pravděpodobností nerepresentují žebra.

Dalším krokem je trasování páteřního kanálu (Obrázek 3.4 a)). Hledání začíná v posledním (nejnižším) řezu, a to buď automaticky nebo poloautomaticky. Jelikož páteřní kanál má kruhový tvar, může být pro jeho nalezení využita například Houghova transformace pro hledání kružnic, v případě poloautomatického trasování je nutné, aby uživatel páteřní kanál manuálně označil kliknutím. Po nalezení páteřního kanálu v prvním řezu začíná iterativní proces, během kterého je počítána distanční mapa mezi právě nalezeným kanálem a okolím páteře následujícího řezu. Na základě znalosti distanční mapy a polohy páteřního kanálu v aktuálním řezu je nalezen páteřní kanál i v řezu následujícím.

Následně jsou nalezeny počátky žebíř (Obrázek 3.4 b)) – nejdříve jsou stanoveny hranice v takové vzdálenosti od páteřního kanálu, aby se nedotýkaly obratlů. Tyto hranice představují dvě rovnoběžné roviny a všechny voxely náležící těmto rovinám jsou označeny jako žebra. Roviny se postupně přibližují směrem k páteři a voxely splňující konkrétní požadavky zaručující, že se jedná o část žebra, a ne část obratle, jsou přidány k oblasti počátku žebra.



Obrázek 3.4 – Dílčí kroky metody založené na detekci páteřního kanálu [17]

(a) Detekovaný páteřní kanál (b) Vysegmentované počátky žebíř (c) Elongace nalezených žebíř

Po nalezení počátků žebíř jsou detekovány i jejich zbylé části s využitím modifikované metody 3D narůstání oblastí (Obrázek 3.4 c)). Na počátek žebra je nalícován pomyslný válec, jehož výška, průměr a natočení jsou vypočítány na základě

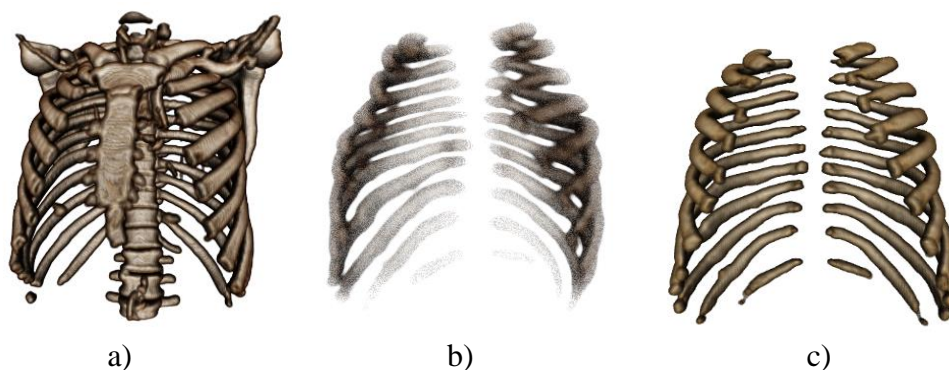
znalosti již vysegmentované části žebra. Tento válec se iterativně posouvá podél osy každého žebra tak, aby byla hodnota korelace tohoto válce a žebra maximální, čímž je získán prvotní odhad tvaru a objemu žeber, který je posléze zpřesněn aplikací klasických podmínek metody narůstání oblastí na jednotlivé voxely reprezentující žebra.

Výstupem popsaného algoritmu jsou žebra s kvalitně vysegmentovanými počátky. Předpokladem úspěšné segmentace je však správné nalezení páteřního kanálu, chyba v tomto kroce předurčuje proces segmentace žeber k neúspěchu. Zmíněná detekce páteřního kanálu a lícování pomyslného válce při prodlužování žeber má za následek vyšší výpočetní náročnost tohoto algoritmu.

3.2.3 Metoda založená na deformaci pravděpodobnostní mapy

Ve článku [18] je popsána metoda segmentace žeber z CT dat, ve které je pro extrakci žeber využita pravděpodobnostní mapa, která je následně transformována na šablonu hrudního koše. Popsaný algoritmus by měl být podle autorů velmi robustní (odolný vůči všem typům známých patologií).

Ze vstupních, naprahovaných CT dat (Obrázek 3.5 a)) je nejprve odvozena pravděpodobnostní mapa výskytu žeber (Obrázek 3.5 b)). Ta je získána pomocí pravděpodobnostního stromu (PBT), jenž pro rozhodování využívá Haarovy příznaky odvozené ze vstupních dat rozdělených na menší segmenty. Jedná se o metodu strojového učení využívající učení s učitelem, proto jsou pro správné odvození pravděpodobnostní mapy potřeba označená referenční data. Pro naučení pravděpodobnostního stromu využili autoři článku [18] 40 ručně anotovaných CT dat. Nově získaný pravděpodobnostní prostor udává odhad pravděpodobnosti, s jakou je voxel na konkrétní pozici vstupních dat součástí žebra.



Obrázek 3.5 – Dílčí kroky metody založené na deformaci pravděpodobnostní mapy

(a) Vstupní naprahovaná CT data (b) Pravděpodobnostní mapa výskytu žeber
(c) Finální segmentace žeber

V dalším kroce je pravděpodobnostní mapa transformována tak, aby co nejlépe korespondovala s obsahem vstupních dat, výsledkem této operace je šablona hrudního koše. Pravděpodobnostní mapa je rozdělena na malé segmenty, aby bylo dosaženo co nejnižší výpočetní náročnosti. Cílem tohoto kroku segmentace je nalézt optimální parametry rigidní transformace jednotlivých elementů pravděpodobnostní mapy. Samotná transformace je rozdělena do tří částí – odhad nové (vhodnější) pozice primitiva, odhad jeho orientace (natočení) a konečně, odhad změny měřítka tohoto primitiva.

V posledním kroce metody založené na deformaci pravděpodobnostní mapy jsou na šablonu hrudního koše získanou v předešlém kroce aplikovány parametrické aktivní kontury (snakes), které mají za úkol vyhledit případné nespojitosti mezi jednotlivými primitivy, vzniklé v důsledku aplikace rigidní transformace na části pravděpodobnostní mapy (Obrázek 3.5 c)).

Výhodou tohoto přístupu je především jeho odolnost vůči případným abnormalitám ve vstupních datech (například chybějící části žeber), kvůli kterým by předešlé přístupy mohly selhávat. Na vstupní data je nahlíženo jako na celek, a tudíž nemůže dojít k tomu, že by chyba v jednom snímku ovlivnila výsledek segmentace ve snímku následujícím. Ve srovnání s předešlými popsánymi přístupy je tento algoritmus mnohem sofistikovanější, ale také náročnější na realizaci. Pro správné naučení PBT jsou potřeba označená referenční data, což může být limitující.

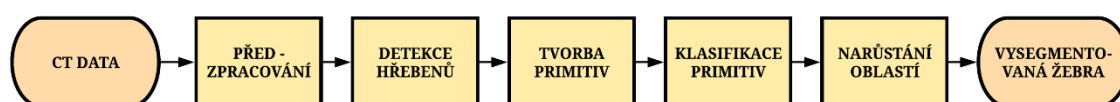
V následující tabulce 3.1 jsou shrnuty a porovnány základní informace o jednotlivých přístupech pro segmentaci žeber popsanych v této kapitole.

Tabulka 3.1 - Srovnání publikovaných přístupů pro segmentaci žeber

přístup	PROCHÁZENÍ KORONÁLNÍCH ŘEZŮ	DETEKCE PÁTEŘNÍHO KANÁLU	DEFORMACE PRAVDĚPODOBNO- STNÍ MAPY
výhody	jednoduchost a rychlost algoritmu	kvalitně vysegmentované počátky žeber	na data je nahlíženo jako na celek
nevýhody	problém s detekcí 11. a 12. páru žeber	možnost chybné detekce páteřního kanálu	složitost algoritmu
relativní výpočetní náročnost	nízká	střední	vysoká
odolnost	velmi náchylný k selhání	náchylný k selhání	odolný vůči patologiím

4 METODA ZALOŽENÁ NA DETEKCI STŘEDOVÝCH LINIÍ ŽEBER

Metoda segmentace žeber navržená a realizovaná v této práci byla inspirována článkem [19]. Informace a některé obrázky v této kapitole pocházejí ze zdrojů [19] a [20]. Mezi zásadní kroky detekce žeber touto metodou patří nalezení středových linií kostí hrudního koše, rozdělení těchto linií na krátká primitiva, klasifikace vytvořených primitiv a konečně, finální segmentace žeber s využitím metody narůstání oblastí. Tato metodika s dílčími kroky je nastíněna ve vývojovém diagramu na obrázku 4.1.



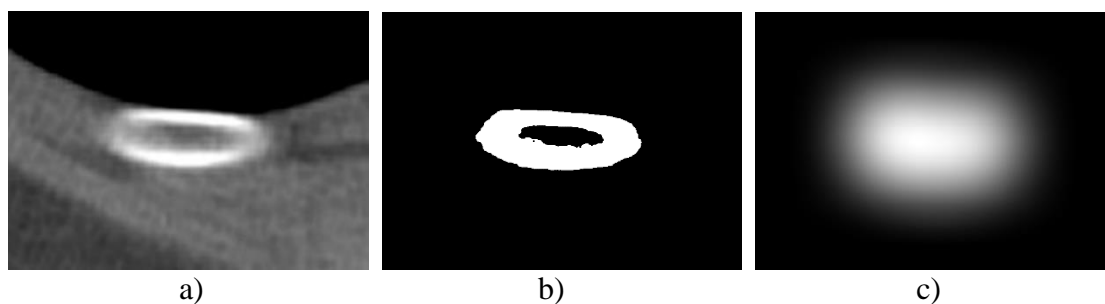
Obrázek 4.1 - Vývojový diagram navrženého algoritmu inspirovaného článkem [19].

Diagram sestává z bloků předzpracování, detekce hřebenových voxelů, tvorby a klasifikace primitiv a bloku finální segmentace žeber realizované narůstáním oblastí.

4.1 Předzpracování vstupních dat

Prvním krokem procesu segmentace žeber je předzpracování vstupních CT dat. V závislosti na rozměrech vstupních je nejprve provedeno jejich převzorkování na standardní velikost. Je žádoucí, aby velikost snímků byla právě 256×256 pixelů a aby data obsahovala tomu odpovídající počet řezů a nedošlo tak k jejich deformaci ve třetím rozměru.

Následně jsou CT data naprahována tak, jak je popsáno v kapitole 3.1.1. Velikost prahu je stanovena pevně, a to na hodnotu 1250 HU. Po naprahování jsou ve snímcích patrné především kosti (případně i kovové předměty či části orgánů, které obsahují kontrastní látku), kterým je přiřazena hodnota 1. Měkkým tkáním je naopak přiřazena hodnota 0 a v datech představují pozadí (Obrázek 4.2 b)).



Obrázek 4.2 – Dílčí kroky předzpracování vstupních CT dat

- (a) Řez žebrem v původním snímku (b) Segmentace žebra získaná pomocí prahování
(c) Rozmazaný řez žebrem (intenzita jasu je maximální ve středu žebra)

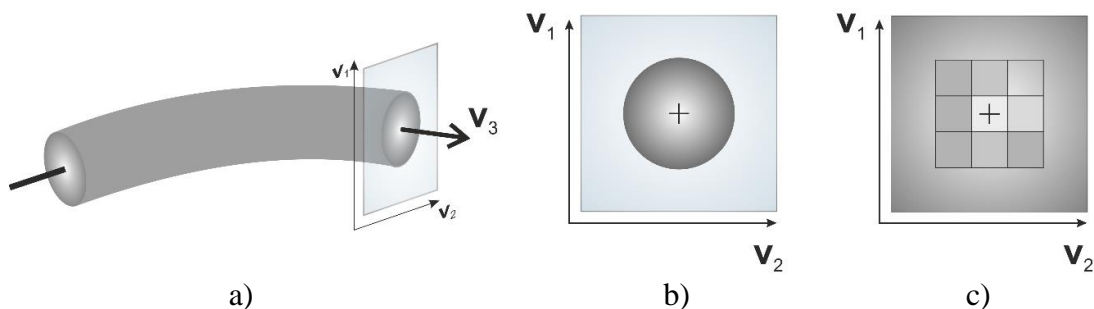
Posledním krokem předzpracování je pak rozmazání vstupních dat ve všech třech směrech s využitím Gaussovského vyhlazovacího filtru. To má za následek změnu intenzity jasu v řezech žebry (Obrázek 4.2 c)). Jelikož jsou naprahoovaná žebra dutá, mají před rozmazáním CT čísla jejich středů nižší hodnoty než CT čísla na jejich okrajích, po rozmazání je tomu naopak, což je žádoucí.

4.2 Detekce středových linií kostí

Po předzpracování vstupních dat následuje nalezení středových linií kostí hrudního koše. Středové linie sestávají z hřebenových voxelů, hřebenový voxel je definován jako lokální maximum v rovině kolmé na osu žebra (Obrázek 4.3 b)). Tato rovina je definována vlastními vektory \mathbf{v}_1 a \mathbf{v}_2 Hessovy matice:

$$\mathbf{H} = \begin{pmatrix} I_{xx} & I_{xy} & I_{xz} \\ I_{yx} & I_{yy} & I_{yz} \\ I_{zx} & I_{yz} & I_{zz} \end{pmatrix},$$

kde I_{ij} , $i, j \in \{x, y, z\}$ reprezentuje druhou derivaci intenzity vstupního obrazu dle příslušných souřadnic. Vlastní vektory Hessovy matice jsou seřazeny sestupně podle velikosti jejich vlastních čísel. Vektor \mathbf{v}_3 je pak kolmý na rovinu definovanou zbylými dvěma vektory (Obrázek 4.3 a)).



Obrázek 4.3 – Princip detekce středových linií [19]

(a) Podlouhlá struktura v CT datech (žebro) a rovina na ni kolmá. (b) Řez strukturou v rovině definované příslušnými vektory \mathbf{v}_1 a \mathbf{v}_2 . (c) Detail posuzovaného voxelu a jeho 8-okolí. Je-li hodnota posuzovaného voxelu větší než hodnoty bodů v jeho okolí, je označen za voxel hřebenový.

Popsaná rovina je definována pro každý nenulový voxel předzpracovaných dat. V této rovině je nalezena „kružnice“ o poloměru $r = 1$ se středem v posuzovaném bodě (Obrázek 4.3 c)). Souřadnice bodů $\mathbf{k}(\theta)$ náležících této kružnici jsou popsány rovnicí

$$\mathbf{k}(\theta) = \mathbf{x} + r \cdot (\mathbf{v}_1 \cdot \cos(\theta) + \mathbf{v}_2 \cdot \sin(\theta)), \quad (8)$$

kde \mathbf{v}_1 a \mathbf{v}_2 jsou vektory definující rovinu, r je poloměr kružnice, \mathbf{x} značí souřadnice středového bodu a θ je diskrétní úhel charakterizující pozici v okolí tohoto bodu.

Posuzovaný voxel \mathbf{x} je označen jako lokální maximum (respektive hřebenový voxel), je-li hodnota jeho intenzity $I(\mathbf{x})$ vyšší, než hodnota intenzity všech voxelů $\mathbf{k}(\theta)$:

$$I(\mathbf{x}) - I(\mathbf{k}(\theta)) > 0, \text{ pro všechny } \theta. \quad (9)$$

Jelikož souřadnice voxelů $\mathbf{k}(\theta)$ mohou nabývat libovolných reálných hodnot, a tudíž mohou spadat mimo definované body vzorkovací mřížky, hodnota intenzity jasu $I(\mathbf{k}(\theta))$ těchto bodů je získána pomocí interpolace metodou nejbližšího souseda.

4.3 Tvorba primitiv

V tomto kroce algoritmu jsou středové linie kostí rozděleny na krátká primitiva. Každé primitivum představuje sadu několika hřebenových voxelů s podobnou polohou a obdobnými vlastnostmi. Primitiva vznikají tak, že ze souboru veškerých nalezených hřebenových voxelů je náhodně vybrán jeden bod, jehož okolí je následně prohledáváno. Ke vznikajícímu primitivu mohou být přidány ty hřebenové voxely nalezené v okolí, které mají podobné vlastnosti jako body, které již součástí primitiva jsou. Pro přidání k primitivu musí nový kandidát splňovat následující tři podmínky. První podmínka udává maximální možnou vzdálenost ε_v nového kandidáta \mathbf{x}_C od referenčního voxelu \mathbf{x}_R :

$$\|\mathbf{x}_C - \mathbf{x}_R\| \leq \varepsilon_v \quad (10)$$

Parametr ε_v může nabývat libovolné kladné hodnoty a udává maximální velikost mezery mezi dvěma voxely středových linií, která může být při tvorbě primitiv tolerována. Další podmínka ověřuje prostorovou orientaci vlákna (respektive středové linie), ze kterého daný voxel pochází. Je žádoucí, aby orientace vlákna, na kterém se nachází referenční voxel a vlákna, na kterém se nachází kandidát pro přidání, byla co nejvíce podobná. Ke zjištění vzájemné orientace je využito vektoru \mathbf{v}_3 z předešlého kroku algoritmu:

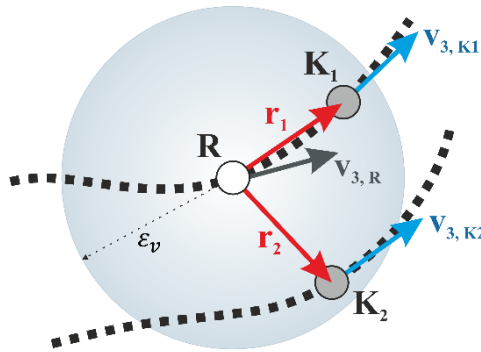
$$|\mathbf{v}_{3,C} \cdot \mathbf{v}_{3,R}| \geq \varepsilon_o \quad (11)$$

Parametr ε_o může nabývat hodnot v rozmezí od 0 do 1 a stanovuje přípustnou odchylku v prostorové orientaci obou vláken, z nichž posuzované voxely pocházejí. Poslední podmínka eliminuje následující problém – mohlo by se stát, že nový kandidát splňuje obě předešlé podmínky (vzdálenost a orientace), avšak nachází se na vlákně, které je rovnoběžné s vláknem, ze kterého pochází voxel referenční, což je nežádoucí (Obrázek 4.4). Pro ověření této podmínky je opět třeba znát vektor \mathbf{v}_3 referenčního voxelu a vektor \mathbf{r} , který směřuje od kandidáta k referenčnímu voxelu:

$$|\mathbf{r} \cdot \mathbf{v}_{3,R}| \geq \varepsilon_p \quad (12)$$

Parametr ε_p může nabývat stejných hodnot jako parametr ε_o , tedy od 0 do 1. Vhodnou volbou hodnoty tohoto parametru docílíme toho, že ke vznikajícímu setu budou přidávány pouze voxely ležící na totožném vlákně.

Popsaná situace je znázorněna na obrázku 4.4. Šedý kruh o poloměru ε_p okolo referenčního voxelu R představuje první podmínku – maximální přípustnou vzdálenost dvou voxelů. Tu splňují oba kandidáti K_1 i K_2 . Ze směru vektorů $\mathbf{v}_{3,K1}$ a $\mathbf{v}_{3,K2}$ je patrné, že oba voxely jsou ve středové linii obdobně prostorově orientované, a tudíž splňují i druhou podmínku. Kandidát K_2 tedy nebude ke vznikajícímu setu přidán až na základě třetí podmínky, protože neleží na stejném vlákně jako referenční voxel R (hodnota součinu vektorů $\mathbf{v}_{3,R}$ a \mathbf{r}_2 by měla být menší než hodnota parametru ε_p).



Obrázek 4.4 – Třetí podmínka pro tvorbu primitiv [19]

Šedá šipka představuje orientaci středové linie v referenčním bodě R, modré šipky obdobně představují orientaci vláken v bodech obou kandidátů pro přidání K_1 a K_2 , a šedý kruh symbolizuje přípustnou vzdálenost kandidátů od bodu R. Bod K_2 nebude přiřazen k bodu R kvůli nesprávné orientaci vektoru \mathbf{r}_2 směřujícího z referenčního bodu R do bodu K_2 (červená šipka).

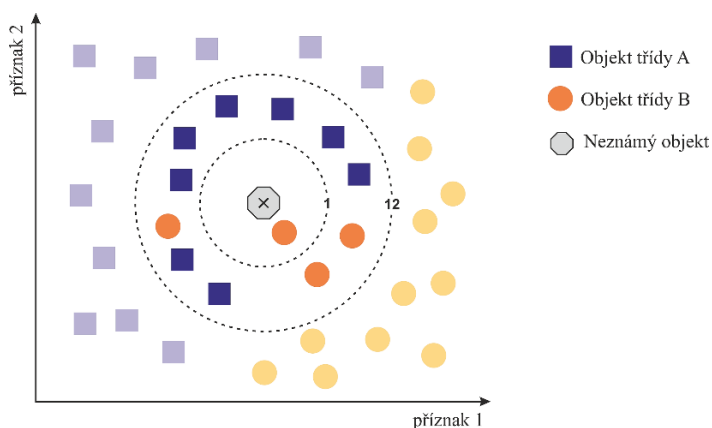
K primitivu jsou opakovaně přidávány hřebenové voxely splňující definované podmínky, dokud se v okolí primitiva nacházejí vyhovující voxely nebo dokud není dosaženo maximální velikosti primitiva, která byla stanovena na 25 voxelů. Poté je ze zbývajících hřebenových voxelů náhodně vybrán nový počáteční bod dalšího konvexního setu. Tento proces se opakuje tak dlouho, dokud nejsou všechny hřebenové voxely součástí nějakého primitiva. Může se stát, že v okolí prvního, náhodně zvoleného, referenčního bodu nebudou podmínkám vyhovovat žádné hřebenové voxely a jeden konvexní set tak bude tvořen právě jedním voxellem. Taková primitiva nebudou v následujících krocích brána v úvahu.

4.4 Klasifikace primitiv

Vytvořená primitiva je třeba klasifikovat na ta, která jsou součástí středových linií žeber a ta, která jsou součástí středových linií ostatních struktur přítomných v hrudních CT datech. Pro účely klasifikace je třeba z jednotlivých primitiv odvodit příznaky, na základě kterých je rozhodnuto tom, do jaké ze dvou kategorií konkrétní primitivum spadá. Pro klasifikaci primitiv se jako vhodný ukázal klasifikátor typu *k-nejbližších sousedů* (k-NN), jenž spadá do skupiny metod využívající učení s učitelem, pro jeho fungování jsou tedy potřeba referenční, označená data.

Během klasifikace je každé primitivum reprezentováno bodem v n-rozměrném příznakovém prostoru, přičemž dimenze příznakového prostoru odpovídá počtu odvozených příznaků. Algoritmus *k-nejbližších sousedů* ve fázi učení promítne veškeré body reprezentující jednotlivá primitiva učební množiny do příznakového prostoru (dle hodnot jejich příznaků). Ve fázi vybavování jsou pak do zmíněného příznakového prostoru promítnuta i primitiva, která mají být klasifikována. Na základě majoritní příslušnosti *k* nejbližších sousedů každého primitiva ke konkrétní třídě je posuzované primitivum přiřazeno do jedné ze dvou tříd. Výstupem klasifikátoru je pravděpodobnost příslušnosti klasifikovaného primitiva k oběma třídám. Příslušnost primitiva ke konkrétní třídě je stanovena porovnáním získané pravděpodobnosti s prahem o definované velikosti. [21]

Výsledek klasifikace může být do značné míry ovlivněn nastavením dvou parametrů. Prvním parametrem k-NN klasifikátoru je počet sousedů využitý pro klasifikaci primitiv, druhým parametrem je potom hodnota prahu, na základě které je stanoveno, do které třídy primitivum spadá. Tento přístup ke klasifikaci je velmi jednoduchý, rychlý a intuitivní. [21]



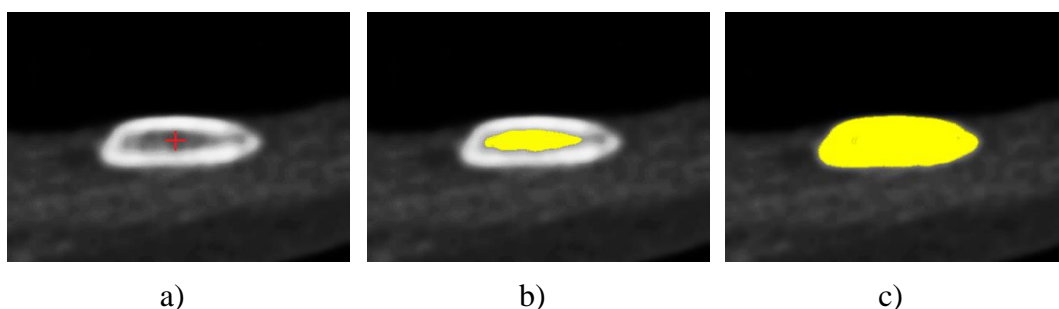
Obrázek 4.5 – Princip k-NN klasifikátoru

Na obrázku 4.5 je znázorněn princip klasifikace neznámého objektu ve dvourozměrném příznakovém prostoru. Fialové a oranžové objekty představují označené prvky učební množiny, šedý objekt má být klasifikován. Kdyby byl během klasifikace v úvahu brán pouze jeden nejbližší soused (malá kružnice), a práh by byl nastaven na hodnotu 0,5, neznámý objekt by byl přiřazen ke třídě „B“ s pravděpodobností 100 %, kdyby však bylo v úvahu bráno 12 nejbližších sousedů (velká kružnice), byl by neznámý objekt přiřazen ke třídě „A“ s pravděpodobností přibližně 70 % (8 z 12 nejbližších sousedů spadá do třídy „A“).

4.5 Aplikace narůstání oblastí

Po odstranění nežádoucích primitiv, která nejsou součástí žeber, se zbylá primitiva stávají počátečními body (seedy) metody narůstání oblastí v trojrozměrném prostoru. Metoda narůstání oblastí ve trojrozměrném prostoru se od popisu metody v kapitole 3.1.2 liší pouze tím, že místo 4 nebo 8-okolí je vždy uvažováno buď 6-okolí (voxely spojené s referenčním bodem stranou), 18-okolí (voxely spojené s referenčním bodem stranou či hranou) nebo 26-okolí (voxely spojené s referenčním bodem stranou, hranou či vrcholem) posuzovaného voxelu. Další odlišností je, že narůstání oblastí nezačíná z jednoho bodu, ale iniciačními body segmentace jsou veškeré voxely náležící středovým liniím žeber.

Jak již bylo popsáno dříve, žebra se v CT datech se mohou jevit jako dutá. V případě, že se iniciační bod pro narůstání oblasti bude nacházet uprostřed žebra (Obrázek 4.6 a)), by mohlo dojít k tomu, že vysegmentována bude pouze vnitřní oblast žebra (Obrázek 4.6 b)). Tomu lze zamezit vhodným nastavením tolerance při přidávání nových voxelů k již vysegmentované oblasti (Obrázek 4.6 c)). Dále je definována podmínka, která umožňuje k vysegmentované oblasti přidání pouze těch voxelů, jejichž vzdálenost od některého z iniciačních hřebenových voxelů je menší, než stanovený práh. Tím je naopak zajištěno, že v případě, kdy žebra nejsou zřetelně ohraničena (vnitřní část zlomeného žebra může být propojena s okolím) nedojde k segmentaci okolní tkáně.



Obrázek 4.6 – Průběh segmentace žebra metodou narůstání oblastí

(a) Iniciační bod metody narůstání oblastí (b) Částečná segmentace žebra (c) Finální segmentace žebra

5 REALIZACE SEGMENTACE ŽEBER

Postup pro segmentaci žeber popsaný v kapitole 4 je implementován v programovacím prostředí Matlab, přičemž každá z podkapitol zmíněné kapitoly je realizována samostatnou dílčí funkcí. Algoritmus sestává z hlavního skriptu, ve kterém jsou volány funkce pro předzpracování vstupních dat, extrakci středových linií, tvorbu primitiv, extrakci příznaků, klasifikaci primitiv a finální segmentaci metodou narůstání oblastí.

V následujících podkapitolách jsou popsány zásadní a problematické kroky, které jsou součástí zmíněných funkcí. V každé z podkapitol jsou společně s popisem problematiky přítomny i obrázky dílčích mezivýsledků, vývojové diagramy a souhrnné tabulky nastavitelných parametrů jednotlivých funkcí (společně s jejich optimálními hodnotami), které mohou výsledek segmentace značně ovlivnit.

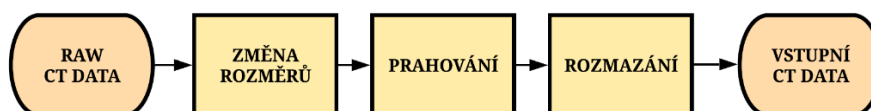
5.1 Experimentální data

Experimentální data použitá v této práci pocházejí z databáze RIDER Lung CT, což je jedna z mnoha volně dostupných databází CT skenů, které jsou k dispozici na webových stránkách *The Cancer Imaging Archive*. Tato databáze sestává z 32 hrudních CT skenů pacientů, u kterých bylo v různé fázi diagnostikováno rakovinné onemocnění plic. Veškeré CT skeny této databáze byly pořízeny s využitím totožného zobrazovacího protokolu. Databáze je primárně určena pro účely studia a vyhodnocení variability plicních nádorových onemocnění, proto součástí databáze nejsou anotovaná data, udávající referenční polohu žeber. Z databáze bylo náhodně vybráno celkem 10 CT skenů, na základě kterých byla vyhodnocena úspěšnost segmentace žeber algoritmem popsáním v kapitole 5. [22]

CT skeny jsou uloženy ve formě jednotlivých snímků (řezů) ve formátu DICOM, součástí každého snímku je i hlavička obsahující informace o daném obraze, pacientovi i typu a způsobu provedení snímání. Rozměry jednotlivých snímků jsou 512×512 pixelů. Jeden CT sken obvykle sestává z 200 až 300 řezů, jejichž tloušťka je 1,25 mm. Rozměry jednoho voxelu jsou potom $0,78 \times 0,78 \times 1,25$ mm z čehož vyplývá, že se jedná o anizotropní data. [22]

5.2 Realizace předzpracování vstupních dat

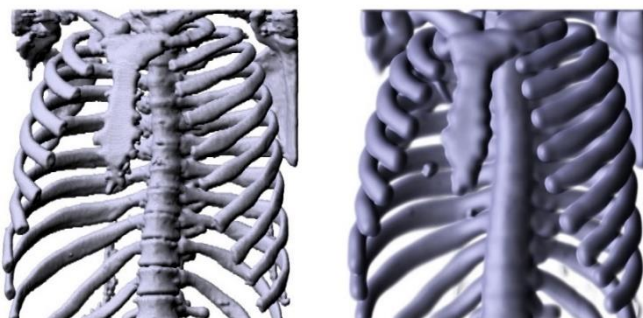
Vstupem funkce pro předzpracování vstupních dat jsou CT data uložená buďto v matici hodnot nebo ve snímcích reprezentujících jednotlivé řezy. Rozsah hodnot CT čísel vstupních dat je při využití standardní bitové hloubky 2^{12} od 0 do 4095 HU. Jednotlivé kroky předzpracování jsou zachyceny na vývojovém diagramu na obrázku 5.1.



Obrázek 5.1 - Vývojový diagram procesu předzpracování vstupních dat
Diagram sestává z kroku převzorkování, prahování a rozmazání nahranych CT dat

Standardní velikost transversálních CT snímků je 512×512 pixelů. Jednotlivé řezy CT daty jsou převzorkovány na velikost 256×256 pixelů, což značně sníží výpočetní náročnost celého algoritmu, aniž by se tato změna rozměrů negativně projevila na výsledku segmentace. Pro převzorkování dat je využita funkce Matlabu *imresize*.

Pomocí prahování jsou z dat vysegmentovány pouze kosti – voxely s hodnotou jasu vyšší, než je hodnota prahu (1 250 HU) jsou označeny jako popředí, zbylé voxely potom jako pozadí (Obrázek 5.2 vlevo). Ukázalo se, že je přínosné, pokud je na jednotlivé řezy naprahovaných CT dat aplikována morfologické operace uzavření a takto modifikovaná data jsou následně vynásobena s původními objemovými daty. Díky tomu je zachována část původní (anatomické) informace, která v naprahovaných datech chybí.



Obrázek 5.2 – Naprahovaná a následně rozmazaná CT data

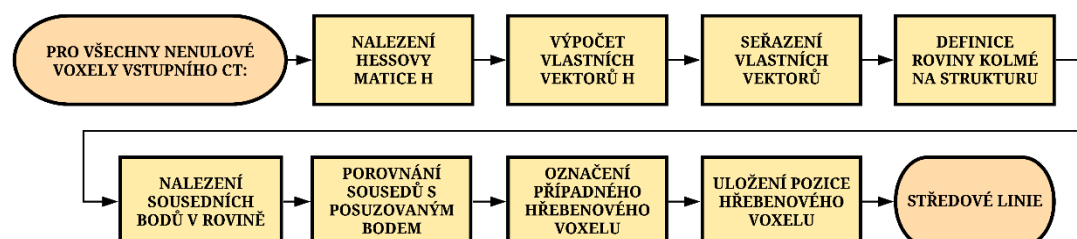
Posledním krokem předzpracování je rozmazání dat (Obrázek 5.2 vpravo). K tomu je využita funkce Matlabu *imgaussfilt3* realizující Gaussovu filtraci trojrozměrných dat. Míra rozmazání (respektive standardní odchylka Gaussovského rozložení) je dána hodnotou parametru sigma, který je vstupem zmíněné funkce společně s naprahovanými CT daty. Parametry tohoto kroku algoritmu jsou uvedeny v tabulce 5.1

Tabulka 5.1 - Parametry funkce realizující předzpracování vstupních dat

POPIS PARAMETRU	OPTIMÁLNÍ HODNOTA PARAMETRU
požadovaná velikost CT snímků	256 × 256 pixelů
práh pro segmentaci kostí	1250 HU
standartní odchylka Gaussovského rozložení pro rozmazání dat	3

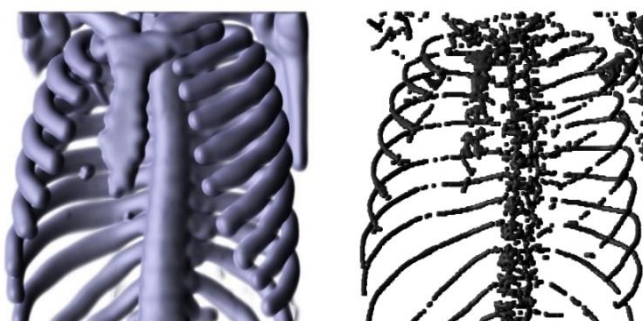
5.3 Realizace detekce středových linií kostí

Kroky detekce středových linií kostí zachycuje vývojový diagram na obrázku 5.3. Naprahovaná a rozmazaná data jsou vstupem funkce, jejímž účelem je extrakce středových linií podlouhlých struktur přítomných ve vstupních datech. Ta jsou postupně procházena třemi for-cykly a o každém nenulovém voxelu je způsobem popsáným v kapitole 4.2 rozhodnuto, zdali je součástí středové linie či nikoliv. Hřebenovým voxelům je přiřazena hodnota 1, zbylé voxely jsou označeny jako pozadí (Obrázek 5.4). Matice středových linií tedy na rozdíl od vstupních dat obsahuje pouze binární hodnoty.



Obrázek 5.3 – Dílčí kroky detekce středových linií kostí hrudních CT dat

V průběhu detekce středových linií kostí jsou hodnoty intenzity jasů voxelů sousedících s voxelem referenčním (spadajících mimo vzorkovací mřížku) v definované rovině získány pomocí metody interpolace nejbližšího souseda. Jakákoliv jiná metoda interpolace (například bilineární či bikubická) značně zvyšuje výpočetní náročnost tohoto kroku, zatímco rozdíl mezi výsledky jednotlivých interpolačních metod je zanedbatelný.

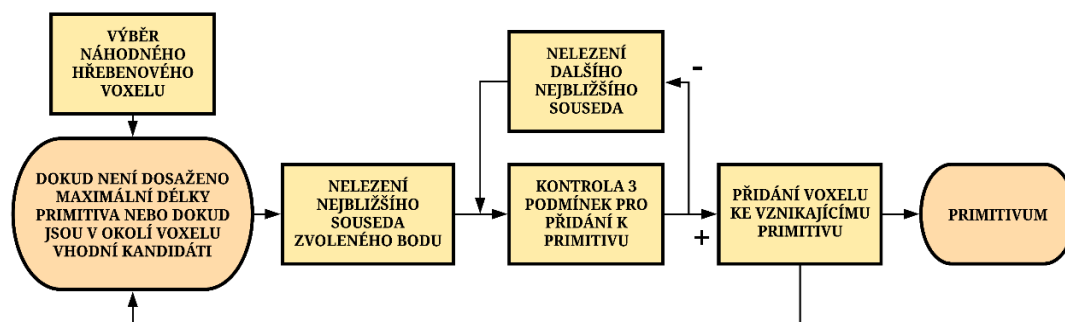


Obrázek 5.4 – Předzpracovaná vstupní data a středové linie kostí v těchto datech

Při posuzování, zdali je voxel lokálním maximem roviny definované příslušnými vektory, může být uvažováno 4-okolí či 8-okolí tohoto bodu. Vhodnější je brát v úvahu 8-okolí, i přes to, že výpočetní doba se tím prodlouží zhruba na dvojnásobek, výsledek je však o poznání kvalitnější. Součástí funkce realizující extrakci středových linií kostí hrudního koše nejsou žádné parametry, jejichž hodnota by mohla být uživatelem nastavena tak, aby došlo ke změně výstupu tohoto kroku.

5.4 Realizace tvorby primitiv

Hřebenové voxely jsou v tomto kroce algoritmu uspořádány do samostatných sad – primitiv. Jednotlivé voxely jednoho primitiva by měly mít podobné vlastnosti. Zásadní kroky tvorby primitiv jsou zobrazeny na vývojovém diagramu na obrázku 5.5. Jelikož primitivum vzniká tak, že k prvnímu, náhodně zvolenému hřebenovému voxelu jsou postupně přidávány nové voxely vyhovující podmínkám pro přidání, jedná se o modifikovanou verzi metody narůstání oblastí.



Obrázek 5.5 – Elementární kroky procesu tvorby jednoho primitiva

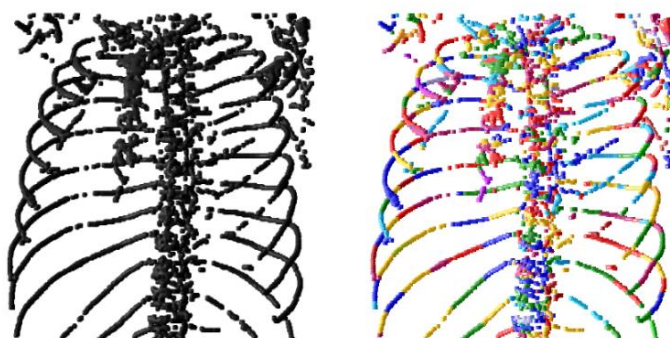
Kritériem pro přidání nového voxelu k primitivu je jeho poloha v matici středových linií kostí a jeho orientace na konkrétním vlákně. Jak již bylo popsáno v kapitole 4.3, nový kandidát pro přidání k primitivu musí splňovat tři podmínky, přičemž každá z podmínek je regulována jedním parametrem.

První parametr stanovuje maximální přípustnou vzdálenost mezi vznikajícím primitivem a vxelem, který k němu má být přidán, hodnota tohoto parametru je nastavena na 6 voxelů, k primitivu tedy nemůže být přiřazen voxel, jehož euklidovská vzdálenost od primitiva je větší nežli zmíněných 6 voxelů.

Druhý parametr udává, jak velká odchylka v orientaci vlákna v bodě polohy voxelu, který má být k primitivu přidán, může být tolerována ve srovnání s orientací primitiva v bodě posledního přidaného voxelu. Tento parametr je nastaven na hodnotu 0,8, přičemž vyšší hodnota znamená přísnější podmínku pro přidání voxelu ke vznikajícímu primitivu.

Poslední podmínka zajišťuje, že nově přidaný voxel pochází z totožného vlákna (respektive žebra), jako poslední voxel přidaný k primitivu. Opět platí, že čím vyšší hodnoty parametr nabývá, tím striktnější podmínka je. Optimální hodnota tohoto parametru je stanovena na 0,7.

Při tvorbě jednotlivých primitiv je důležité stanovit maximální možnou velikost primitiva. V datech, jejichž řezy byly převzorkovány na rozměry 256×256 pixelů je optimální velikost primitiv 25 voxelů. Při této délce jsou vznikající primitiva patřící žebřům poměrně dobře odlišitelná od primitiv, které náleží páteři, lopatkám a kosti hrudní. Primitiva reprezentující středové linie žebíř jsou dlouhá a málo prohnutá, zatímco ostatní primitiva jsou mnohem kratší a zakřivenější (Obrázek 5.6). Primitiva sestávající z méně než dvou voxelů nejsou brána v úvahu a ze setu primitiv jsou odstraněna, jelikož zachování těchto primitiv by mělo negativní vliv na následné kroky algoritmu. Popsané parametry, kterými je řízena tvorba primitiv, jsou shrnuty v tabulce 5.2.



Obrázek 5.6 – Středové linie kostí hrudního koše a z nich vytvořená primitiva

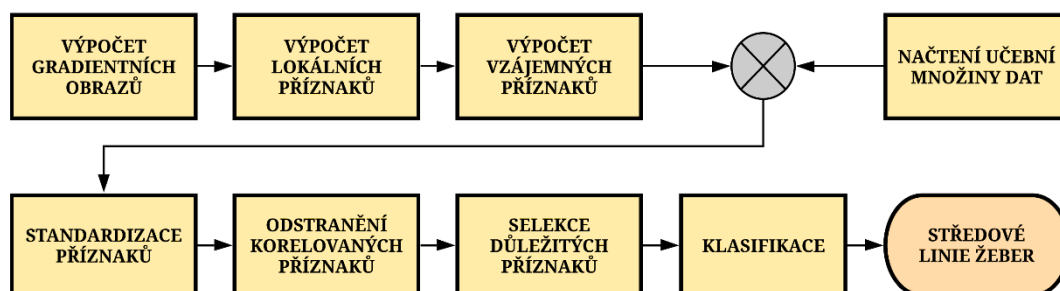
Ze středových linií kostí hrudního koše na obrázku vlevo je získáno zhruba 300 primitiv, ta jsou od sebe na obrázku vpravo navzájem barevně rozlišena.

Tabulka 5.2 - Parametry funkce realizující tvorbu primitiv

POPIS PARAMETRU	OPTIMÁLNÍ HODNOTA PARAMETRU
maximální euklidovská vzdálenost kandidáta pro přidání a primitiva	6 voxelů
přípustná odchylka v orientaci kandidáta pro přidání a primitiva	0,8
přípustná odchylka v poloze kandidáta pro přidání a primitiva	0,7
maximální velikost primitiva	25 voxelů
minimální velikost primitiva	2 voxely

5.5 Realizace klasifikace primitiv

Klasifikace primitiv je realizována k-NN klasifikátorem. Ve fázi učení je využita učební množina dat sestávající z primitiv získaných z 10 různých CT skenů. Každé primitivum je charakterizováno vektorem 61 příznaků, z nichž je vyselektováno 16 nejprínosnějších příznaků. Veškerá primitiva jsou pak klasifikátorem označena buď jako součást žebra či jako pozadí. Nejdůležitější kroky klasifikace primitiv jsou znázorněny ve vývojovém diagramu na obrázku 5.7.



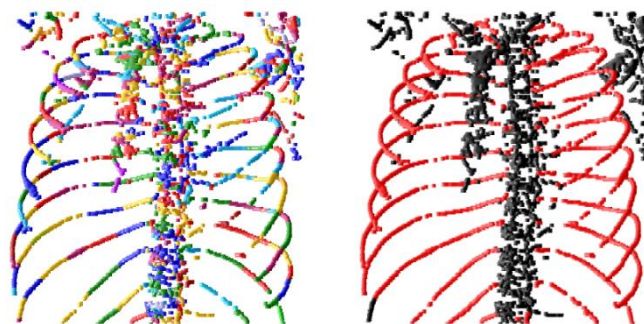
Obrázek 5.7 - Hlavní kroky procesu klasifikace primitiv

Jak již bylo zmíněno dříve, k-NN klasifikátor má dva základní parametry – počet sousedů, kteří jsou během samotné klasifikace bráni v úvahu a práh, na základě kterého je neznámé primitivum klasifikováno do jedné ze dvou tříd. Hodnota prahu udává počet sousedů (z celkového počtu sousedů), kteří musejí spadat do konkrétní třídy, aby do této třídy bylo zařazeno i klasifikované primitivum. Optimální hodnoty popsaných parametrů jsou uvedeny v tabulce 5.3.

Tabulka 5.3 - Parametry k-NN klasifikátoru

POPIS PARAMETRU	OPTIMÁLNÍ HODNOTA PARAMETRU
počet sousedů	5
velikost prahu	0,6 (3 z 5)

Graficky znázorněný výsledek klasifikace primitiv je znázorněn na obrázku 5.8 vpravo, na kterém jsou primitiva klasifikovaná jako žebra označena červeně a primitiva klasifikovaná jako pozadí černě. Objemová data na obrázcích znázorňujících dílčí kroky segmentace žebra byla vizualizována v softwaru *ImageJ – Fiji* (plugin Volume Viewer).



Obrázek 5.8 – Soubor všech primitiv a primitiva klasifikovaná do dvou tříd

Na obrázku vlevo jsou barevně rozlišena jednotlivá primitiva, na obrázku vpravo jsou primitiva klasifikovaná jako žebra označena červeně, zbylá primitiva (pozadí) jsou pak označena černě.

5.5.1 Učební množina

Učební množina dat obsahuje téměř 5000 primitiv, z toho zhruba 2600 primitiv, která jsou součástí středových linií žebíř, a 2400 primitiv, která součástí středových linií žebíř nejsou. Každé primitivum je charakterizováno vektorem příznaků.

Učební množina byla vytvořena na základě 10 manuálně označených hrudních CT skenů. Manuální segmentace žebíř byla realizována v softwaru pro zpracování sekvencí obrazových dat *ImageJ – Fiji*. CT data byla nejprve naprahována tak, aby v popředí byly zachovány veškeré kosti. V každém snímku byly následně ponechány pouze objekty představující žebra, ostatní objekty byly označeny jako pozadí. Tímto způsobem byla získána manuální segmentace žebíř. Subtrakcí vysegmentovaných žebíř od naprahovaného CT skenu byla získána data, která obsahují pouze struktury označené jako pozadí. Na manuálně vysegmentovaná data (žebra i pozadí) byl aplikován postup popsáný v kapitolách 4.2 (detekce středových linií) a 4.3 (tvorba primitiv). Ze získaných primitiv byly odvozeny jednotlivé příznaky, které byly rozšířeny o informaci, zdali je dané primitivum součástí žebíř, či nikoliv. Učební množina byla následně augmentována.

5.5.2 Augmentace učební množiny

Z jednoho CT skenu hrudníku je průměrně získáno přibližně 400 primitiv. Větší část z nich (přibližně 250) je však součástí pozadí, zbytek primitiv (přibližně 150) pak náleží středovým liniím žebíř. Pro dosažení kvalitního výsledku klasifikace je žádoucí, aby byl počet prvků jednotlivých tříd učební množiny zastoupen rovnoměrně, proto byla učební množina augmentována. Učební množina by mohla být rozšířena tak, že by byla manuálně vysegmentována žebra z dalších CT skenů a k učební množině by byla přidána pouze primitiva, která jsou součástí žebíř.

Jelikož manuální segmentace žeber je časově náročná, byl zvolen následující postup. Již použitá manuálně vysegmentovaná žebra byla rotována o 180° v ose x a z , čímž došlo ke změně jejich orientace. Z rotovaných žeber byly opět získány jejich středové linie, které byly rozděleny na primitiva, přičemž parametry ovlivňující průběh tvorby primitiv byly následovně pozměněny – počáteční bod primitiva nebyl volen náhodně, ale vždy byl vybrán nejbližší hřebenový voxel středových linií žeber vůči právě vzniklému primitivu, maximální velikost primitiva byla zvýšena na 30 voxelů a hodnoty parametrů regulující podmínky pro přidání nového bodu ke vznikajícímu primitivu byly rozvolněny (byla zvýšena tolerance). Tento postup byl aplikován celkem na 5 CT skenů použité databáze, díky čemuž bylo z těchto skenů získáno téměř dvojnásobné množství primitiv náležících žebřům. Počet primitiv, která jsou součástí žebra a počet primitiv, která jsou součástí pozadí, se tak v učební množině vyrovnal a klasifikátor se zároveň stal robustnějším (částečně invariantním vůči orientaci vstupních CT dat).

5.5.3 Popis odvozených příznaků

Pro každé primitivum bylo odvozeno celkem 61 příznaků, které mohou být rozděleny do dvou skupin a to na příznaky lokální, popisující vlastnosti konkrétního primitiva a příznaky vzájemné, popisující vztahy mezi dvěma sousedními primitivy. Lokálních příznaků bylo odvozeno 46, vzájemných pak 15.

Lokálními příznaky jsou délka primitiva, (počítaná jako euklidovská vzdálenost počátečního a koncového bodu primitiva), zakřivení primitiva, délka projekce primitiva do osy x , y a z a relativní souřadnice x a y středu primitiva (celkem 7 příznaků).

Další skupina lokálních příznaků popisuje intenzitu jasu primitiv v původních a derivovaných (gradientních) datech. Pro výpočet těchto příznaků je využito nultých, prvních a druhých parciálních derivací vstupních dat. Každá parciální derivace je pak ještě dvakrát rozmazána pomocí Gaussovského vyhlazovacího filtru se směrodatnou odchylkou rovnou jedné, respektive dvěma. Hodnota intenzity jasu každého primitiva tedy může být odvozena celkem třicetkrát, pro lepší orientaci v této problematice slouží tabulka na obrázku 5.9. Výsledná hodnota intenzity jasu primitiva je vypočtena jako průměr dílčích hodnot jasu jednotlivých voxelů daného primitiva. Celkem je takto získáno 30 příznaků ($3 \times [1 + 3 + 6]$).

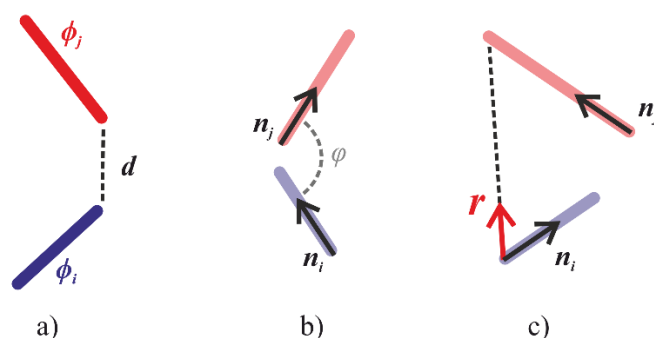
	VSTUPNÍ CT DATA	PRVNÍ PARCIÁLNÍ DERIVACE			DRUHÁ PARCIÁLNÍ DERIVACE					
PŮVODNÍ DATA	CT	GX	GY	GZ	GXX	GXY	GXZ	GYX	GYZ	GZZ
ROZMAZANÁ DATA (směrodatná odchylka = 1)	CT	GX	GY	GZ	GXX	GXY	GXZ	GYX	GYZ	GZZ
ROZMAZANÁ DATA (směrodatná odchylka = 2)	CT	GX	GY	GZ	GXX	GXY	GXZ	GYX	GYZ	GZZ

Obrázek 5.9 – Data pro odvození příznaků založených na hodnotě jasu primitiv

Z původních CT dat jsou vypočteny první a druhé parciální derivace čímž vznikne soubor 10 dat. Na tento soubor je následně aplikován Gaussovský filtr, jenž data rozmáže ve všech třech rovinách, nejprve se směrodatnou odchylkou rovnou jedné, následně dvěma. Z těchto dat jsou odvozeny příznaky založené na hodnotě jasu v poloze jednotlivých primitiv.

Do téže skupiny spadají i příznaky popisující gradient v poloze primitiva. Těmito příznaky jsou průměrná hodnota velikosti gradientu primitiva, průměrná hodnota determinantu Hessovy matice a průměrná hodnota stopy Hessovy matice každého primitiva. Tyto příznaky jsou taktéž odvozeny jak z původních dat, tak i z dat vyhlazených Gaussovským filtrem (9 příznaků).

Vzájemné příznaky popisují interakce mezi dvěma sousedícími primitivy, podmínkou pro jejich výpočet tedy je, aby se v blízkosti posuzovaného primitiva nacházelo primitivum další. Pokud v okolí žádné primitivum není, všechny vzájemné příznaky jsou nahrazeny nulovou hodnotou. Maximální přípustná euklidovská vzdálenost mezi nejbližšími koncovými body dvou sousedících primitiv (Obrázek 5.10 a)) byla stanovena na hodnotu 8, vzdálenější primitiva již nejsou považována za sousedy.



Obrázek 5.10 – Vzájemné příznaky dvou primitiv [19]

- (a) Nejmenší vzdálenost mezi dvěma koncovými body primitiv ϕ_i a ϕ_j .
(b) Úhel mezi dvěma primitivy získaný jako absolutní hodnota skalárního součinu jednotkových vektorů n_i a n_j zarovnaných s osami primitiv. (c) Pro výpočet zarovnání dvou primitiv je třeba znát jednotkový vektor r , který má stejný směr jako úsečka spojující dva nejbližší koncové body obou primitiv.
Zarovnání je pak vypočteno jako $\frac{1}{2} \cdot (|r \cdot n_i| + |r \cdot n_j|)$.

Mezi vzájemné příznaky dvou primitiv patří minimální vzdálenost jejich koncových bodů (respektive konce jednoho a počátku druhého primitiva), úhel, který svírají osy obou primitiv a vzájemné zarovnání primitiv v prostoru (3 příznaky). Tyto příznaky jsou graficky znázorněny na obrázku 5.10.

Následující trojice příznaků je vypočtena vždy jako průměr a absolutní hodnota rozdílu dílčích hodnot dvou sousedících primitiv, posuzovaným příznakem je jejich délka, zakřivení a průměrná hodnota intenzity jasu (6 příznaků). Posledními vzájemnými příznaky jsou absolutní rozdíly délek projekcí sousedících primitiv do os x , y a z a absolutní rozdíly souřadnic jejich středů (6 příznaků).

5.5.4 Standardizace příznaků

Algoritmy strojového učení, které uvažují vzdálenost mezi vzorky v příznakovém prostoru, jsou citlivé na rozdílná měřítka jednotlivých příznaků. Jinými slovy, je žádoucí, aby byl rozsah hodnot všech příznaků alespoň řádově srovnatelný. Mezi takové algoritmy patří i k-NN klasifikátor, a proto je nutné standardizovat příznaky jak trénovací, tak i testovací množiny dat. [25]

Pro účely škálování jednotlivých příznaků byla zvolena metoda standardizace směrodatnou odchylkou, která spočívá v odečtení průměru μ_x příznaku x od jeho původních hodnot a následném podělení směrodatnou σ_x tohoto příznaku:

$$x_{ST} = \frac{x - \mu_x}{\sigma_x} . \quad (13)$$

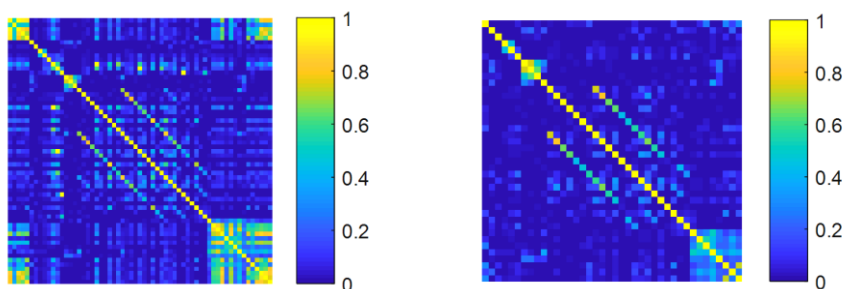
Standardizovaný příznak x_{ST} má nulovou střední hodnotu a jeho směrodatná odchylka je rovna jedné. Standardizace umožňuje během procesu klasifikace efektivní využití i těch příznaků, jejichž původní rozsah hodnot byl řádově odlišný od rozsahu hodnot ostatních příznaků, což znatelně zvyšuje výslednou úspěšnost klasifikace. Standardizace taktéž částečně eliminuje problém s odlehlými hodnotami v příznacích. [21] [25]

5.5.5 Selektce relevantních příznaků

Jak již bylo zmíněno dříve, každé primitivum je charakterizováno souborem sestávajícím z 61 příznaků, což je nadbytečně mnoho. Selektce nejrelevantnějších příznaků má za následek celkové zjednodušení klasifikačního modelu, snížení času učení i vybavování, předchází přeučení klasifikačního modelu a v neposlední řadě taktéž redukuje problém „prokletí dimenzionality“ (z angličtiny – Curse of Dimensionality).

Ze souboru jsou odstraněny především ty příznaky, které se nejméně podílejí na výsledku klasifikace nebo obsahují stejnou informaci, jako některý z ostatních příznaků. Selektce příznaků je rozdělena do tří etap a to odstranění korelovaných příznaků, výběr nejvíce relevantních příznaků a konečně, finální úprava zvolené podmnožiny příznaků. [21] [23]

V první fázi selektce příznaků je odstraněn vždy jeden z dvojice příznaků, jejichž vzájemný Pearsonův korelační koeficient přesahuje hodnotu 0,85. Takové příznaky nesou velmi obdobnou informaci a zbytečně navyšují dimenzi příznakového prostoru. Korelační matice (tabulka korelačních koeficientů mezi jednotlivými příznaky) všech 61 příznaků je graficky znázorněna na obrázku 5.11 vlevo. Čím světlejší je bod korelační matice, tím vyšší je korelační koeficient příslušné dvojice příznaků. Hodnoty na diagonále této matice jsou pak rovny jedné (korelační koeficient totožných příznaků je vždy roven jedné), diagonální hodnoty však při selekci příznaků nejsou brány v úvahu. Korelační matice je vždy symetrická (korelační koeficient příznaků x a y , respektive y a x , je totožný). Na obrázku 5.11 vpravo je potom korelační matice souboru příznaků učební množiny po odstranění 21 nadbytečných korelovaných příznaků. [23]



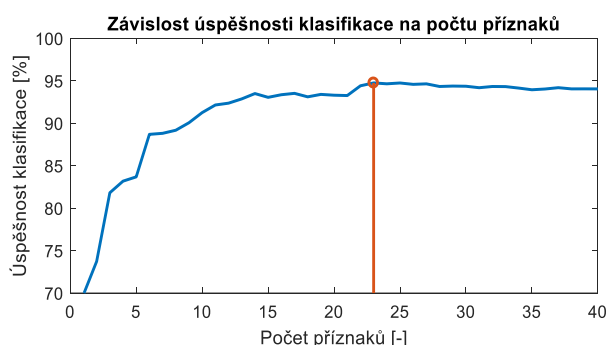
Obrázek 5.11 – Korelační matice před a po odstranění korelovaných příznaků

Sloupce i řádky matic reprezentují jednotlivé příznaky. Ze souboru příznaků byl odstraněn vždy jeden z dvojice příznaků, jejichž korelační koeficient byl vyšší než 0,85 (bylo odstraněno 21 příznaků).

Dalším krokem selektce příznaků je určení důležitosti jednotlivých příznaků (z angličtiny – Feature Importance). Důležitost příznaků je určena následujícím způsobem. Na základě každého jednotlivého příznaku je provedena klasifikace manuálně označených primitiv, díky čemuž může být vypočtena úspěšnost klasifikace, ta je vyhodnocena pomocí ROC křivek. ROC křivka je graf, který na základě senzitivity a specifity udává kvalitu binárního klasifikátoru v závislosti na hodnotě zvoleného klasifikačního prahu, hodnota AUC (plocha pod ROC křivkou) potom popisuje schopnost klasifikátoru správně klasifikovat prvky dvou tříd. Ideálního klasifikátor má hodnotu AUC rovnou jedné. Důležitost jednotlivých příznaků učební množiny (hodnota AUC) se pohybuje v rozmezí 0,49 až 0,75. [19] [24]

Poté, co je stanovena důležitost všech příznaků, je realizována dopředná selekce příznaků, jejímž cílem je nalezení vyhovující podmnožiny příznaků. Na počátku dopředné selekce je učební množina klasifikátoru tvořena pouze jedním, nejdůležitějším příznakem. Na základě této učební množiny je provedena klasifikace a vyhodnocena její úspěšnost. Následně je k učební množině přidán další, druhý nejdůležitější příznak a opět je provedena klasifikace. Tento proces je opakován, dokud nejsou součástí učební množiny veškeré příznaky. Jako nejvhodnější je nakonec označena ta podmnožina příznaků, na základě které bylo dosaženo maximální úspěšnosti klasifikace. [23]

Jako nejlepší se po dopředné selekci jeví podmnožina 23 nejdůležitějších příznaků (Obrázek 5.12). Při výpočtu důležitosti však bylo na příznaky nahlíženo jednotlivě, ne jako na soubor příznaků. Proto se může stát, že konkrétní příznak, který nebyl označen jako důležitý a do výsledné podmnožiny nebyl zahrnut, může kladně ovlivnit výsledek klasifikace v kombinaci s příznaky ostatními. Naopak, příznak který byl vyhodnocen jako důležitý, nemusí být v souboru ostatních důležitých příznaků přínosný. Tento problém řeší poslední fáze selekce příznaků.



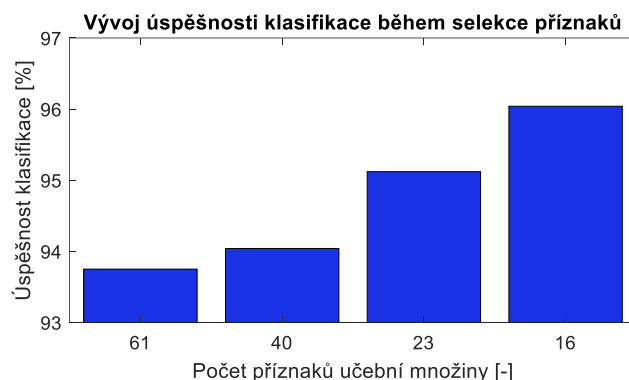
Obrázek 5.12 – Závislost úspěšnosti klasifikace na dimenzi příznakového prostoru

K učební množině byly postupně přidávány jednotlivé příznaky a to od nejdůležitějších po nejméně důležité. Nejvyšší úspěšnosti bylo dosaženo při využití učební podmnožiny sestávající z 23 nejdůležitějších příznaků. Osa y byla pro přehlednost omezena na rozsah 70 - 100 %.

Vstupem poslední fáze selekce příznaků je podmnožina příznaků zformovaná v předešlém kroce. Tato fáze je realizována iterativním procesem, během kterého je vždy vypočtena úspěšnost klasifikace při využití stávající učební množiny, která je následně náhodně modifikována. Na základě této nové učební množiny je opět stanovena úspěšnost klasifikace. Modifikace učební množiny probíhá následovně - náhodně je určeno, zdali bude k učební množině některý (náhodně zvolený) příznak přidán či z ní bude odstraněn. Pokud je úspěšnost klasifikace realizované s využitím modifikované učební množiny nižší, než úspěšnost předešlá (došlo ke zhoršení výsledku) je za optimální stále považována prvotní, neupravená podmnožina příznaků. Naopak, pokud dojde ke zvýšení

úspěšnosti klasifikace, je za optimální považována modifikovaná podmnožina příznaků. Tento proces se iterativně opakuje, dokud nedojde k ustálení výsledku (během 100 iterací nedojde ke zlepšení úspěšnosti klasifikace).

Výsledná podmnožina sestává celkem z 16 příznaků, přičemž 13 z 23 příznaků vybraných ve druhém kroce selekce příznaků bylo v jejím posledním kroce zachováno, 10 jich bylo odstraněno a 3 nové příznaky, které nebyly označeny jako důležité, byly k optimální učební množině přidány. Z grafu na obrázku 5.13 je patrné, že úspěšnost klasifikace po provedení každého dílčího kroku selekce příznaku vzrostla, což je žádoucí.



Obrázek 5.13 – Úspěšnost klasifikace během procesu selekce příznaků

Po každém kroce selekce příznaků došlo ke zvýšení úspěšnosti klasifikace. Osa y byla pro přehlednost omezena na rozsah 93 až 97 %.

Příznaky optimální učební podmnožiny jsou uvedeny v tabulce 5.4 společně s jejich kvalitou (hodnotou AUC) a informací, zdali se jedná o příznak lokální či vzájemný. Úspěšnost klasifikace byla díky selekci příznaků navýšena o více než 2 %.

Tabulka 5.4 – Optimální podmnožina příznaků

POŘADÍ	PŘÍZNAK	TYP	AUC
1	Délka primitiva	lokální	0,69
2	Zakřivení primitiva	lokální	0,66
3	Délka projekce primitiva do osy x	lokální	0,68
4	Relativní souřadnice Y středu primitiva	lokální	0,67
5	Determinant Hessovy matice, $\sigma = 3$	lokální	0,66
6	Velikost gradientu, $\sigma = 2$	lokální	0,56
7	Velikost gradientu, $\sigma = 3$	lokální	0,66
8	Intenzita jasu primitiva (g_{xy})	lokální	0,70
9	Intenzita jasu primitiva (g_{zz})	lokální	0,69
10	Intenzita jasu primitiva (g_{xy} , $\sigma = 2$)	lokální	0,56
11	Intenzita jasu primitiva (g_{yy} , $\sigma = 2$)	lokální	0,62
12	Intenzita jasu primitiva (g_x , $\sigma = 3$)	lokální	0,65
13	Intenzita jasu primitiva (g_z , $\sigma = 3$)	lokální	0,57
14	Úhel mezi sousedy	vzájemný	0,64
15	Průměrné zakřivení sousedů	vzájemný	0,66
16	Rozdíl souřadnic Y	vzájemný	0,61

5.5.6 Hodnocení úspěšnosti klasifikace

Existuje mnoho metrik, kterými může být popsána úspěšnost klasifikátoru, pro vyhodnocení úspěšnosti klasifikace byla v této práci zvolena senzitivita (Se), specifická (Sp), jejich průměr a F1 skóre ($F1$). Výpočet všech zmíněných ukazatelů je založena na znalosti počtu správně (TP , TN) a chybně (FP , FN) klasifikovaných primitiv:

- hodnota **TP** (True Positive) udává počet primitiv, která byla správně označena jako součást středové linie žebra
- hodnota **TN** (True Negative) udává počet primitiv, která byla správně označena jako pozadí
- hodnota **FP** (False Positive) udává počet případů, kdy klasifikátor chybně označil primitivum jako součást středové linie žebra (primitivum ve skutečnosti žebro nenáleží)
- hodnota **FN** (False Negative) udává počet případů, kdy klasifikátor chybně označil primitivum jako pozadí (primitivum ve skutečnosti žebro náleží)

Senzitivita je definována jako pravděpodobnost toho, že primitivum, které je součástí žebra, bude jako žebro označeno. Naopak specifická udává pravděpodobnost toho, že primitivum, které součástí žebra není, bude označeno jako pozadí. Průměr těchto dvou ukazatelů je uvažován jako celková úspěšnost klasifikátoru. Výpočet senzitivity a specifity je popsán rovnicemi 14 a 15. [26] [30]

$$Se = \frac{TP}{TP + FN} \quad (14)$$

$$Sp = \frac{TN}{TN + FP} \quad (15)$$

Hodnota F1 skóre (též označovaná jako Dice koeficient), je vypočtena jako harmonický průměr pozitivní prediktivní hodnoty (PPV) a senzitivity (Se):

$$F1 = \frac{2 \cdot PPV \cdot Se}{PPV + Se}, \quad (16)$$

$$PPV = \frac{TP}{TP + FP} \quad (17)$$

Pozitivní prediktivní hodnota udává pravděpodobnost toho, že primitivum, které bylo označeno jako součást žebra je opravdu součástí žebra. Harmonický průměr dvou hodnot úspěšnosti (F1 skóre) poskytuje věrohodnější hodnoty, než jejich aritmetický průměr, proto bylo F1 skóre zvoleno jako druhý ukazatel úspěšnosti klasifikace. [27]

Jak již bylo zmíněno dříve, učební množina sestává z primitiv pocházejících z deseti různých CT skenů. Vyhodnocení úspěšnosti klasifikace probíhalo formou „Hold-out“ křížové validace, což je standartní způsob, jak otestovat kvalitu klasifikátoru a jeho schopnost generalizace. Křížová validace probíhá v jednotlivých iteracích, kdy je učební množina vždy rozdělena na podmnožinu trénovací a testovací. Testovací podmnožinu tvoří během validace vždy primitiva právě jednoho CT skenu (přibližně 1/10 všech primitiv), ostatní primitiva jsou součástí podmnožiny trénovací. V každém iteraci křížové validace jsou primitiva testovací množiny K–NN klasifikátorem klasifikována do dvou tříd a následně je vyhodnocena úspěšnost klasifikace. Tento postup je opakován pro každý CT sken, celkem tedy desetkrát. Hodnoty úspěšnosti klasifikace uváděné v této práci jsou pak průměrem všech dílčích hodnot úspěšností získaných během křížové validace. Tabulka 5.5 shrnuje výsledky klasifikace dosažené na databázi 10 hrudních CT skenů. [28]

Tabulka 5.5 – Hodnoty úspěšnosti klasifikace

Metrika	Průměrná hodnota [%]	Směrodatná odchylka [%]	Minimální hodnota [%]	Maximální hodnota [%]
Senzitivita	96,0	2,6	91,7	99,4
Specifická	97,4	1,1	95,7	98,6
Úspěšnost	96,7	1,7	94,2	99,0
F1 (Dice)	96,2	1,9	93,5	99,1

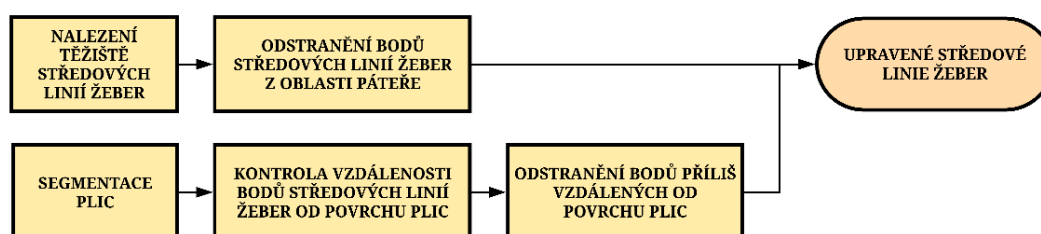
V matici záměn (Tabulka 5.6) jsou zaznamenány absolutní počty správně a chybně klasifikovaných primitiv učební množiny. Řádky matice záměn reprezentují výstup klasifikátoru, její sloupce pak referenční hodnotu příslušnosti primitiv ke třídě. Z tabulky je patrné, že celkem bylo klasifikováno 3889 primitiv, přičemž 42 % z nich bylo klasifikátorem označeno jako žebro, zbylých 58 % potom jako pozadí. Procentuální hodnoty uvedené v tabulce byly zaokrouhleny na jedno desetinné místo.

Tabulka 5.6 – Matice záměn shrnující výsledek klasifikace primitiv

		REFERENCE	
		žebro	pozadí
VÝSTUP	žebro	1582 (40,7 %)	58 (1,5 %)
	pozadí	65 (1,7 %)	2184 (56,1 %)
CELKEM		1 647 (42,4 %)	2 242 (57,6 %)
		3 889	

5.6 Realizace finální úpravy středových linií žeber

Primitiva označená jako středové linie žeber se v následujícím kroce stanou počátečními body metody narůstání oblastí, a proto je žádoucí, aby v souboru středových linií žeber nebyla přítomna ideálně žádná falešně pozitivně klasifikovaná primitiva, jejichž přítomnost by měla negativní vliv na výsledek segmentace. Taktéž je žádoucí, aby se žádná primitiva nenacházela v těsné blízkosti páteře, jelikož by mohlo dojít k segmentaci části páteře společně s počátkem žebra. Účelem tohoto kroku algoritmu je odstranění falešně pozitivně klasifikovaných či nežádoucích primitiv ze setu středových linií žeber. Schéma znázorňující postup odstranění těchto primitiv je na obrázku 5.14.



Obrázek 5.14 - Nejdůležitější kroky procesu finální úpravy středových linií žeber

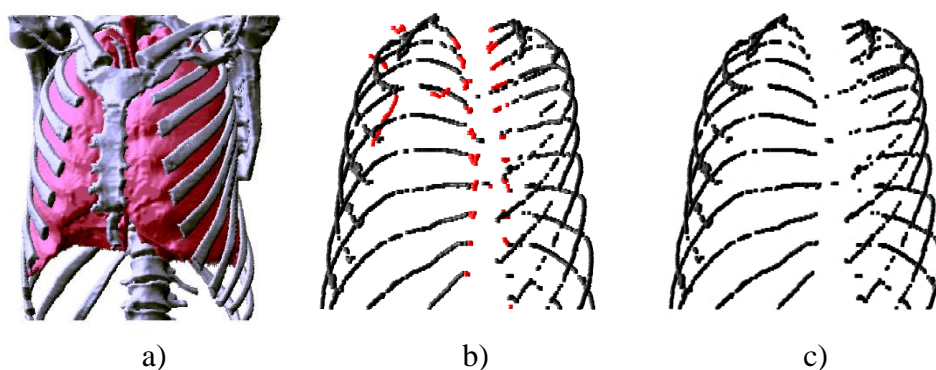
Tato část algoritmu vychází z anatomické znalosti hrudního koše – odstraněna jsou primitiva nacházející se v oblasti páteře (horní větev) a primitiva příliš vzdálená od povrchu plic (dolní větev).

Během tohoto kroku již na středové linie žeber není nahlíženo jako na soubor primitiv, nýbrž jako na jednotlivé voxely. Nejprve jsou odstraněny voxely z okolí páteře. Předpokladem pro určení polohy páteře je nalezení těžiště souboru středových linií žeber. Následně je ověřena orientace vstupních dat a v sagitální rovině souboru středových linií žeber je vymezeno pásmo, z nějž jsou odstraněny veškeré voxely. Šířka tohoto pásma je nastavitelným parametrem.

V dalším kroce jsou odstraněny voxely, které by neměly být součástí středových linií žeber. Kritériem pro odstranění či zachování těchto voxelů je jejich vzdálenost od povrchu plic. Tato myšlenka vychází z anatomické znalosti hrudního koše – žebra jsou (na rozdíl od lopatek či klíční kosti) v těsné blízkosti povrchu plic. Plíce jsou vysegmentovány ze vstupních CT dat pomocí prahování a dodatečného dočištění pomocí mediánové filtrace a morfologické operace uzavření. Následně je kontrolována vzdálenost každého voxelu středových linií žeber od povrchu plic a příliš vzdálené voxely jsou ze souboru odstraněny.

Z obrázku 5.15 a) je patrné, že 11. a 12. pár žeber nemusí být v těsné blízkosti povrchu plic. Aby nedošlo k odstranění voxelů, které náleží středovým liniím těchto žeber, jsou vysegmentované plíce patřičně upraveny tak, aby byla zmíněná žebra od povrchu plic vzdálena podobně, jako ostatní páry žeber. Modifikace vysegmentovaných plic spočívá v nahrazení snímků ze spodní části plic snímkem, ve kterém je plocha řezu plícemi maximální. Nahrazeny jsou ty snímky, ve kterých je plocha řezu plícemi menší, než polovina plochy řezu plícemi ve zmíněném snímku (s největší plochou plic).

Voxely, které byly ze souboru středových linií žeber odstraněny jsou na obrázku 5.15 b) označeny červeně. Tyto body náleží počátkům žeber, lopatce a kosti hrudní. Finální verze souboru středových linií žeber je zaobrazena na obrázku 5.15 c).



Obrázek 5.15 – Středové linie žeber před a po finální úpravě

(a) Segmentace plic (červeně) zobrazená společně s kostmi hrudního koše (b) Středové linie žeber před finální úpravou - červeně označené voxely, které se nacházejí v oblasti počátků žeber, kosti hrudní a jedné z lopatek jsou ze souboru iniciačních bodů odstraněny, čímž je získán (c) finální soubor voxelů středových linií žeber (soubor iniciačních bodů)

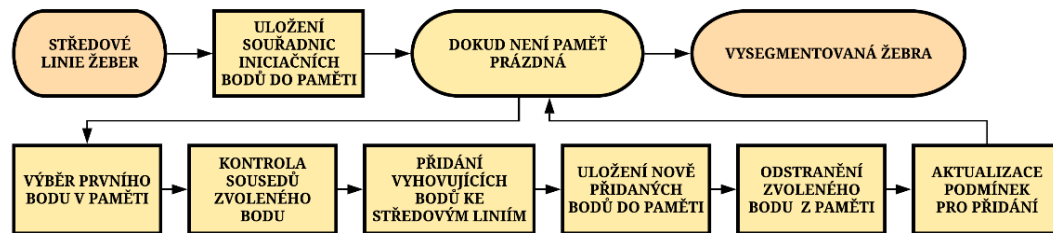
Přípustná vzdálenost voxelu od povrchu plic je dalším volitelným parametrem algoritmu stejně jako šířka pásma v okolí páteře, ze kterého jsou odstraněny veškeré voxely. Oba parametry a jejich optimální hodnoty jsou uvedeny v tabulce 5.7.

Tabulka 5.7 - Parametry funkce realizující finální úpravu středových linií žeber

POPIS PARAMETRU	OPTIMÁLNÍ HODNOTA PARAMETRU
šířka pásma v okolí páteře, ze kterého jsou odstraněny veškeré voxely	50 voxelů
maximální přípustná vzdálenost bodu středových linií žeber od povrchu plic	10

5.7 Realizace finální segmentace

Voxely, které ze setu středových linií žeber nebyly v předešlém kroce odstraněny, se stávají počátečními body metody narůstání oblastí, kterou je realizována finální segmentace žeber z hrudních CT dat. Hlavní kroky algoritmu realizujícího finální segmentaci jsou zaznamenány na obrázku 5.16.



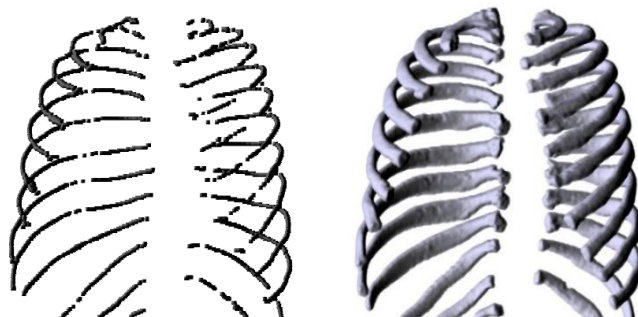
Obrázek 5.16 - Nejdůležitější kroky finální segmentace žeber

Vysegmentovaná oblast vzniká tak, že k souboru iniciačních bodů jsou postupně přidávány voxely splňující definované podmínky. Důležitým rysem algoritmu, který realizuje finální segmentaci žeber, je jeho dynamická paměť, do které jsou ukládány souřadnice vysegmentovaných voxelů, jejichž okolí bude později kontrolováno.

Postup realizace finální segmentace je následující, do paměti jsou v nejprve uloženy souřadnice všech iniciačních bodů. Poté začíná iterativní proces, ve kterém je vždy z paměti vybrán její první bod, jsou nalezeni jeho sousedé (kteří ještě nejsou součástí vysegmentované oblasti) a ti z nich, kteří splňují podmínky pro přidání, jsou přiřazeni k vysegmentované oblasti. Souřadnice nově přidáných bodů jsou uloženy na konec paměti. Bod, jehož okolí bylo posuzováno je z paměti následně odstraněn. Tento proces se opakuje tak dlouho, dokud jsou v paměti uloženy nějaké body. Když dojde k vyprázdnění paměti, znamená to, že v okolí vysegmentované oblasti již nejsou žádné body, které by na základě stanovených podmínek mohly být k této oblasti přidány.

Podmínky pro přidání nových voxelů k vysegmentované oblasti jsou dynamické, k jejich aktualizaci dochází vždy po uskutečnění 1000 iterací. V takovém případě je vypočtena nová referenční hodnota jasu vysegmentované oblasti (jako průměr této oblasti) a je přepočtena i maximální přípustná odchylka, o kterou se může lišit hodnota jasu nově přidávaného voxelu od výše zmíněné hodnoty referenční. Průměrná hodnota jasu vysegmentované oblasti je dodatečně navýšena o 10 %, přípustná odchylka je pak o 5 % snížena. To vede ke zpřísnění podmínek pro přidání nových voxelů a zvýšení úspěšnosti segmentace. Referenční hodnota jasu i maximální přípustná odchylka je před první aktualizací podmínek pevně stanovena. Podmínky jsou během zpracování jednoho

CT skenu aktualizovány zhruba 150 – 200krát (v závislosti na počtu iterací). Výsledek finálního kroku segmentace žeber je společně s iniciačními body metody narůstání oblastí zobrazen na obrázku 5.17.



Obrázek 5.17 – Iniciační body metody narůstání oblastí a finální segmentace žeber

Po dokončení segmentace žeber metodou narůstání oblastí je provedeno finální dočištění získaných žeber aplikací morfologické operace uzavření na jednotlivé řezy výstupních dat. To má za následek vyplnění případných malých mezer či nežádoucích nespojitostí v řezech jednotlivými žebry.

Parametry funkce realizující finální segmentaci, jejichž hodnota může mít vliv na konečný výsledek, jsou společně s jejich optimálními hodnotami uvedeny v tabulce 5.8.

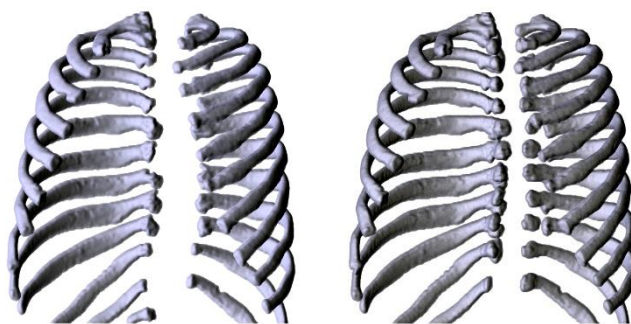
Tabulka 5.8 - Parametry funkce realizující finální segmentaci žeber

POPIS PARAMETRU	OPTIMÁLNÍ HODNOTA PARAMETRU
maximální přípustná euklidovská vzdálenost nově přidaného bodu od libovolného iniciačního bodu	10
přípustný rozdíl mezi hodnotou jasu kandidáta a referenční hodnotou jasu	± 160
navýšení referenční hodnoty jasu vysegmentované oblasti po aktualizaci podmínek	+ 10 %
snížení přípustného rozdílu mezi hodnotou jasu kandidáta a referenční hodnotou po aktualizaci podmínek	- 5 %
posuzované okolí zvoleného bodu	6-okolí
počet iterací, po kterých jsou aktualizovány podmínky pro přidání nových voxelů	1000

Jelikož počátky žeber jsou kloubně spojeny s výběžky hrudních obratlů, mnohdy se během narůstání oblastí stává, že místo počátku žebra je vysegmentována právě část příčného výběžku obratle, což je nežádoucí. Proto je aplikován následující postup.

Nejprve jsou vysegmentována žebra tak, jak je popsáno výše. Jelikož této segmentaci předchází úprava středových linií žeber, během které jsou odstraněny iniciační body z oblasti páteře (tedy i z okolí počátků žeber), jsou počátky žeber vysegmentovány pouze částečně.

V dalším kroce jsou ze souboru iniciačních bodů naopak vybrány pouze ty body, které jsou součástí počátků žeber. Na základě těchto nových iniciačních bodů jsou samostatně vysegmentovány počátky žeber. Pro jejich segmentaci je využita tatáž funkce realizující narůstání oblastí, jako při segmentaci žeber, pouze s poupravenými parametry. Vzdálenost bodu, který může být přidán k vysegmentované oblasti, od některého bodu iniciačního, je snížena, stejně jako přípustný rozdíl mezi hodnotou intenzity jasu tohoto bodu a referenční hodnotou intenzity jasu – podmínky pro přidávání bodů k vysegmentované oblasti jsou tedy zpřísněny. Změna parametrů segmentace má za následek snížení pravděpodobnosti toho, že bude vysegmentována část páteře místo požadovaného počátku žebra. Nakonec jsou nově vysegmentované počátky žeber sjednoceny s žebry vysegmentovanými v předešlém kroce, čímž je získána finální segmentace žeber z hrudních CT dat. Vliv tohoto kroku na výslednou segmentaci žeber můžete vidět na obrázku 5.18.



Obrázek 5.18 – Rozdíl mezi žebry s hůře a lépe vysegmentovanými počátky

Na obrázku vlevo je výsledek segmentace žeber bez zaměření na segmentaci jejich počátků. Na obrázku vpravo je potom zobrazen výsledek segmentace žeber realizované dvojím narůstáním oblastí, počátky žeber jsou zde vysegmentovány kvalitněji. Navíc vlivem tohoto kroku došlo k odstranění nesprávně vysegmentované části obratle pod posledním párem žeber.

6 HODNOCENÍ ÚSPĚŠNOSTI FINÁLNÍ SEGMENTACE ŽEBER

Pro vyhodnocení úspěšnosti segmentace žeber byla stejně jako pro vyhodnocení úspěšnosti klasifikace zvolena senzitivita a specificita, jelikož jsou to často uváděné ukazatele úspěšnosti segmentace a dosažené výsledky tak mohou být porovnány s publikovanými výsledky ve člancích, které se zabývají obdobnou problematikou. Průměr těchto dvou hodnot je opět označen jako celková úspěšnost segmentace žeber.

Další hojně uváděnou metrikou pro validaci objemových segmentací v medicíně je F1 skóre (Dice koeficient), které může být využito pro popis reprodukovatelnosti segmentace. Velmi podobnou informací jako Dice koeficient nese i Jaccard index, proto byl pro vyhodnocení úspěšnosti segmentace žeber v této práci uvažován pouze zmíněný Dice koeficient. [29][30]

Poslední metrika popisující úspěšnost objemové segmentace uvedená v této práci je MASD (Mean Absolute Surface Distance). MASD udává průměrnou minimální vzdálenost mezi jednotlivými body povrchu referenční objemové segmentace a body povrchu automaticky vysegmentovaného objemu. Hodnota MASD dvou totožných objemových dat je rovna nule. Na rozdíl výše zmíněných od ukazatelů je tedy žádoucí, aby byla hodnota této metriky co nejnižší. Jelikož průměrná vzdálenost bodů povrchu referenčních a posuzovaných dat není totožná, jako průměrná vzdálenost bodů povrchu dat posuzovaných a referenčních (zaleží na pořadí, v jakém zmíněné objemy uvažujeme), je výsledná hodnota MASD získána jako průměr těchto dvou dílčích hodnot:

$$MASD = \frac{1}{2} \cdot [\bar{d}_{min}(V_{REF}, V_{SEG}) + \bar{d}_{min}(V_{SEG}, V_{REF})], \quad (18)$$

kde $\bar{d}_{min}(V_{REF}, V_{SEG})$ značí průměrnou hodnotu minimální vzdálenosti mezi všemi body povrchu referenčního objemu V_{REF} a body povrchu vysegmentovaného objemu V_{SEG} . Získaná hodnota MASD popisuje, o kolik pixelů jsou posuzované objemy vzájemně průměrně posunuty. V případě, že známe rozlišení vstupních dat, může být hodnota MASD vypočtena v jednotkách délky (obvykle v milimetrech). Jednotlivé odlehlé body (či malé odlehlé objekty) v posuzovaných datech nijak výrazně neovlivňují hodnotu MASD, tato metrika hodnotí výsledek segmentace globálně. [29]

Výslednou úspěšnost segmentace žeber shrnuje tabulka 6.1, ve které jsou uvedeny dosažené hodnoty jednotlivých popsanych metrik. Úspěšnost segmentace byla stejně jako

úspěšnost klasifikace vyhodnocena na databázi sestávající z 10 CT hrudních skenů, kdy uvedené hodnoty úspěšnosti byly vždy získány jako průměr 10 dílčích hodnot.

Tabulka 6.1 – Úspěšnost segmentace žeber na databázi 10 CT skenů

Metrika	Průměrná hodnota	Směrodatná odchylka	Minimální hodnota	Maximální hodnota
Senzitivita [%]	90,2	3,7	83,9	94,5
Specifická [%]	99,8	0,1	99,5	99,9
Úspěšnost [%]	95,0	1,8	91,9	97,1
F1 (Dice) [%]	86,8	2,5	83,2	90,0
MASD [mm / vx]	0,56 / 0,65	0,16 / 0,19	0,38 / 0,43	0,81 / 0,93

Další možností, jak vyhodnotit úspěšnost objemové segmentace je kvantitativní hodnocení, které spočívá ve zjištění celkového počtu nalezených žeber a počtu nesprávně vysegmentovaných žeber či ostatních objektů. Kvantitativní hodnocení segmentace žeber shrnuje tabulka 6.2. [19]

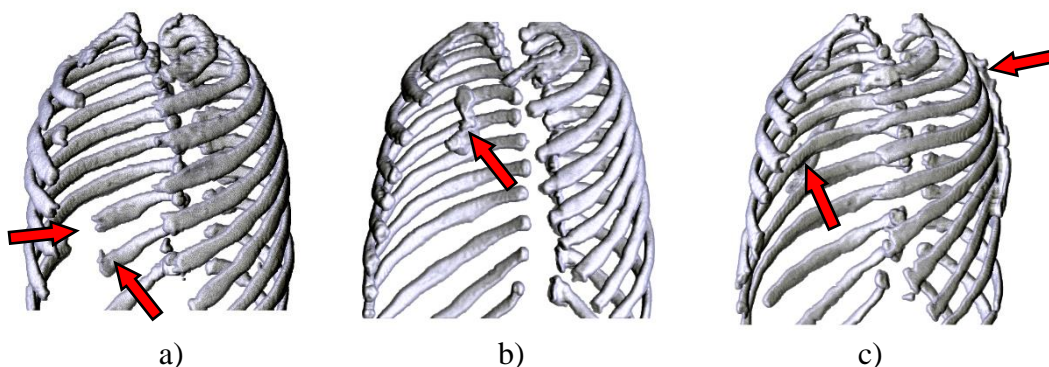
Jelikož CT skeny použité v této práci vznikly za účelem zobrazení plic, nikoliv žeber, je v některých z nich zachyceno pouze prvních 11 párů žeber, v některých je pak 12. pár žeber zobrazen pouze z části. Proto kompletní databáze 10 CT skenů obsahuje pouze 234 žeber (117 párů) místo předpokládaných 240 žeber (120 párů).

Tabulka 6.2 – Kvantitativní hodnocení úspěšnosti segmentace žeber

Ukazatel	Počet vysegmentovaných žeber
Celkový počet vysegmentovaných žeber	233 (99,6 %)
Počet nespojitých žeber	11 (4,7 %)
Počet částečně vysegmentovaných žeber	3 (1,3 %)
Počet nežádoucích objektů	5

Popsaný algoritmus, realizující segmentaci žeber, správně označil (alespoň zčásti) celkem 233 žeber, detekováno nebylo pouze 1 žebro (neúplná část 12. žebra). Některá žebra však byla vysegmentována pouze částečně – v 11 případech nebyla vysegmentována střední část žebra, což má za následek nespojitost takového žebra, ve 3 případech pak nebyl vysegmentován konec žebra. Počátky žeber byly u detekovaných žeber alespoň částečně vysegmentovány všechny. Celkem v 5 případech

byl krom žebí vysegmentován i další, nežádoucí objekt a to konkrétně jeden příčný výběžek obratle, jedna část kosti hrudní a ve třech případech byla spolu s žebí částečně vysegmentována i část lopatky. Popsané případy neúspěšné segmentace jsou zobrazeny na obrázku 6.1.



Obrázek 6.1 – Nesprávně vysegmentované objekty

- (a) Chybějící střední část žebra (nahore) a částečně vysegmentované žebro bez konce (dole)
- (b) část hrudní kosti, která byla vysegmentována společně s počátky žebí
- (c) části lopatek v těsné blízkosti žebí, které neměly být vysegmentovány

Srovnání dosažených výsledků segmentace žebí s ostatními autory je poměrně náročné, jelikož neexistuje mnoho publikovaných článků, které se segmentací žebí zabývají a pouze v několika z nich je úspěšnost segmentace objektivně vyhodnocena. Autoři těchto článků obvykle úspěšnost segmentace definují pomocí přesnosti segmentace (ACC). Ta je vypočtena jako podíl počtu správně označených voxelů (TP , TN) a celkového počtu voxelů:

$$ACC = \frac{TP+TN}{TP+TN+FP+FN} . \quad (19)$$

Přesnost však není příliš vhodnou metrikou pro popis úspěšnosti objemové segmentace, a to z důvodu takzvaného „*paradoxu přesnosti*“. Ten říká, že hodnota přesnosti roste se zvyšujícím se rozdílem mezi počtem voxelů, které algoritmus označil správně a počtem voxelů, které byly algoritmem označeny chybně. Přesnost by tedy měla být uvažována pouze v případech, kdy je počet voxelů obou zmíněných tříd zastoupen (alespoň řádově) rovnoměrně, v případě objemových segmentací tomu tak ovšem zpravidla nebývá (rozdíl mezi počty voxelů označených správně a chybně je markantní, většina správně označených voxelů v objemových datech představuje pozadí) a hodnota přesnosti je tak poměrně vysoká i u nepříliš kvalitních segmentací. [25]

Ve značné části článků, které se segmentací žebí zabývají, je jako metrika úspěšnosti segmentace uveden pouze podíl počtu vysegmentovaných žebí a celkového

počtu žebor zastoupených v použité databázi (dále procentuální podíl vysegmentovaných žebor). Pouze v několika málo článcích je uvedena hodnota MASD či Dice koeficientu, který je pro popis úspěšnosti objemových segmentací vhodný. [30]

Výsledky popsaného algoritmu jsou v tabulce 6.4 porovnány s výsledky dalších šesti autorů, kteří publikovali své hodnoty objektivního vyhodnocení úspěšnosti segmentace žebor. Z tabulky je patrné, že výsledky dosažené v této práci jsou poměrně kvalitní. Ve srovnání s ostatními články byl však popsaný algoritmus otestován pouze na velmi malé databázi CT skenů.

Tabulka 6.3 – Srovnání dosažené úspěšnosti segmentace s ostatními autory

Autoři	Velikost databáze [-]	Přesnost [%]	Podíl žebor [%]	MASD [mm]	Dice [%]
Zhang, Li, Hu [16]	15	-	94,5	-	-
Lee, Reeves [17]	110	98,4	98,8	-	-
Staal, Ginneken [19]	20	-	98,4	-	-
Xu, Bagci, Jonsson [31]	400	95,1	-	-	-
Pölonen, Schubert [32]	-	-	-	1,32	74,0
Guo, Chen, Gong [33]	39	-	-	2,57	90,0
Jakubiček, Kašík	10	99,7	99,6	0,56	86,8

Dle očekávání přesahuje hodnota přesnosti segmentace (ACC) žebor uvedená ve článcích [17] a [31] hranici 95 %, autoři prvního z těchto článků dále uvedli alespoň hodnotu procentuálního podílu vysegmentovaných žebor, stejně jako autoři článků [16] a [19]. Jelikož za správně vysegmentovaná uvažují autoři i částečně vysegmentovaná žebra, jsou hodnoty této metriky taktéž poměrně vysoké. Autoři zbylých dvou článků pro popis úspěšnosti segmentace zvolili metriky MASD a Dice koeficient. Ve článku [32] bylo dosaženo poměrně dobré hodnoty MASD, Dice koeficient však nepřesahuje hranici 80 %, která může být považována za ukazatel kvalitní segmentace [30]. Naopak, autoři článku [33] dosáhli velmi dobré hodnoty Dice koeficientu, uvedená hodnota MASD je však až překvapivě vysoká. Pro vyhodnocení úspěšnosti segmentace žebor bylo ve většině zmíněných článků využito desítek až stovek hrudních CT skenů, což naznačuje, že přístupy segmentace žebor popsané v těchto článcích (především [17] a [31]) by měly být značně robustní.

7 DISKUSE

Pro realizaci segmentace žeber byla v této práci zvolena metoda detekce středových linií žeber. Jedná se o poměrně robustní přístup, který je odolný vůči patologiím ve vstupních CT datech (například vůči zlomeninám žeber) [19]. Jelikož popsán postup segmentace sestává z jednotlivých, na sebe navazujících kroků, je možné v případě neuspokojivého výsledku zobrazit dílčí výstupy jednotlivých kroků a dle nich poupravit příslušné parametry tak, aby bylo dosaženo výsledku kvalitnějšího. Z této souslednosti vyplývá, že chyba v počátečních krocích segmentace může negativně ovlivnit veškeré následné kroky procesu segmentace žeber.

7.1 Výhody a nevýhody zvoleného přístupu

Jedním z nedostatků zvoleného přístupu segmentace žeber je pevně stanovená hodnota prahu pro segmentaci kostí při předzpracování vstupních dat. Problém by mohl nastat v případě, kdy by na vstup algoritmu byla nahrána data, která byla získána za jiných podmínek než data, na kterých byl algoritmus vyvíjen (například odlišná dávka použitého rentgenového záření či doba expozice). V takovém případě by společně s kostmi mohly být částečně vysegmentovány i měkké tkáně, což by teoreticky nemělo ovlivnit výsledek segmentace, problém by však mohl nastat v opačném případě, kdy by část kostní tkáně nebyla vysegmentována a došlo by tak k nevratné ztrátě informace.

Další nevýhodou je, že při detekci středových linií žeber není zaručena jejich spojitost a návaznost, což může mít negativní následky v kroce narůstání oblastí. V případě, že část středové linie nebude nalezena, bude chybět i část iniciačních bodů pro finální segmentaci a jelikož je ve fázi narůstání oblastí definována podmínka, která omezuje maximální vzdálenost nově přidáného voxelu od některého z iniciačních bodů, nemusí být část žebra v okolí chybějící středové linie vysegmentována (Obrázek 6.1 a)), což může zapříčinit nespojitost žebra. Toto je zřejmě největší nedostatek zvoleného segmentačního přístupu.

Tento nedostatek může být zapříčiněn dvěma hlavními důvody. Prvním z nich je chyba vzniklá při detekci hřebenových voxelů ve vstupních datech, kdy část hřebenových voxelů vůbec nemusí být detekována a to pravděpodobně z důvodu využití metody interpolace nejbližšího souseda, během které dochází k „zaokrouhlování hodnot“, což může být kritické, pokud se posuzované body liší pouze nepatrně. Jak již bylo zmíněno výše, jakákoliv jiná metoda interpolace však enormně zvyšuje výpočetní

náročnost celého algoritmu. Druhým důvodem chybějící části středové linie žebra může být chyba vzniklá během klasifikace primitiv (primitivum středové linie žebra je chybně klasifikováno jako pozadí). Tento nedostatek by pravděpodobně mohl být odstraněn rozšířením učební množiny.

Výhodou zvoleného přístupu je „dvojitá kontrola“ středových linií žeber – parametry k-NN klasifikátoru jsou nastaveny tak, aby bylo jako středová linie žebra označeno co největší množství primitiv, které opravdu představují středové linie žeber (snaha o maximalizaci senzitivity klasifikace), a to i za cenu toho, že společně s nimi budou jako středové linie žeber nesprávně označena i některá ostatní primitiva (například středové linie cév, napuštěných kontrastní látkou). Tato primitiva totiž budou s největší pravděpodobností ze souboru voxelů středových linií žeber odstraněna v následném kroce a to na základě jejich vzdálenosti od povrchu plic.

Výhodou zrealizovaného přístupu je i to, že segmentace žeber probíhá zcela automaticky, uživatel se na procesu segmentace žeber nemusí nikterak podílet. Pouze v případě neuspokojivého výsledku je třeba, aby uživatel poupravil hodnoty příslušných parametrů segmentace za účelem získání výsledku kvalitnějšího.

7.2 Výpočetní náročnost algoritmu

Algoritmus byl vyvíjen na notebooku Lenovo IdeaPad 310-15ISK s procesorem Intel Core i5-6200 2,40 GHz a operační pamětí 8 GB. Doba zpracování jednoho CT skenu se na zmíněném počítači pohybuje v rozmezí od 10 do 14 minut. Níže uvedené časy jsou pouze orientační a u různých CT skenů se mohou mírně lišit.

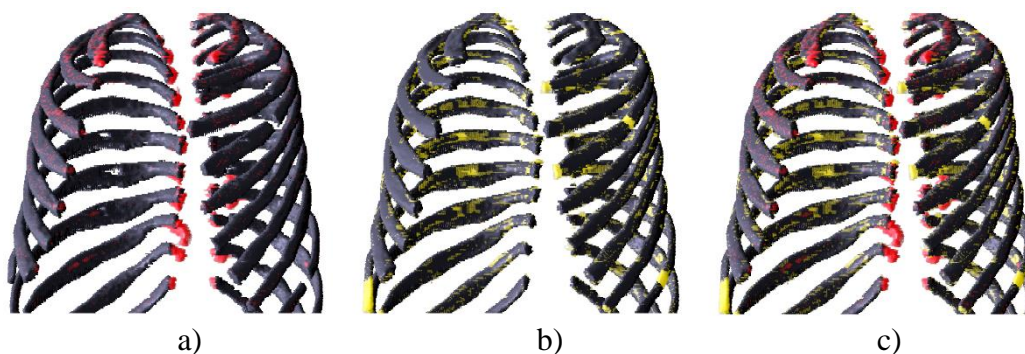
Předzpracování vstupních dat trvá přibližně 10 vteřin, detekce středových linií 90 vteřin, tvorba primitiv pak 20 vteřin. Výpočetně nejnáročnější částí algoritmu je extrakce příznaků, která trvá přibližně 7 minut, doba trvání tohoto kroku je silně závislá na počtu vytvořených primitiv. Z nich je odvozeno pouze 16 vybraných příznaků, popsanych v kapitole 5.5, což výpočetní náročnost značně snižuje (ve srovnání s trváním výpočtu všech 61 příznaků). Po odvození příznaků následuje klasifikace primitiv a finální úprava středových linií žeber, které dohromady trvají přibližně 30 vteřin. Doba trvání finální segmentace žeber a jejich počátků může být opět velmi variabilní, průměrně však netrvá déle než 3 minuty.

7.3 Nedostatky segmentace

Nedostatky výsledné segmentace jsou demonstrovány na obrázcích 7.1 a 7.2, na kterých je porovnána segmentace získaná jako výstup popsaného algoritmu s manuální segmentací žeber. Černě jsou označeny ty voxely, které mají obě segmentace společné (logický průnik) a tudíž byly vysegmentovány správně, červeně jsou pak označeny ty voxely, které byly algoritmem vysegmentovány i přes to, že náleží pozadí, naopak žluté voxely algoritmem jako součást žebra označeny nebyly, přestože součástí žeber jsou.

První z trojice obrázků v obou případech znázorňuje oblasti, které by součástí výsledné segmentace být neměly, ale i přesto byly vysegmentovány, druhý obrázek naopak znázorňuje oblasti, které ve výsledné segmentaci chybí a třetí obrázek je kombinací obou předešlých obrázků.

Na obrázku 7.1 je zobrazena segmentace žeber, jejíž hodnota Dice koeficientu je nejvyšší z celé databáze. Z obrázku vlevo je patrné, že k „přerůstání“ oblastí během finální segmentace dochází především u počátků žeber, tento nedostatek je zřejmý zejména u 9. a 10. žebra. Největší oblastí, která nebyla vysegmentována, je konec 8. pravého žebra. Tento nedostatek je následkem chybné klasifikace příslušného primitiva. Menší chybějící oblasti (4. a 9. levé žebro) jsou způsobeny absencí několika voxelů středových linií kostí. Při hledání optimálních parametrů finální segmentace žeber je třeba nalézt kompromis mezi stavem, kdy budou vysegmentována veškerá žebra a zároveň nedojde k nadměrné segmentaci okolní tkáně.

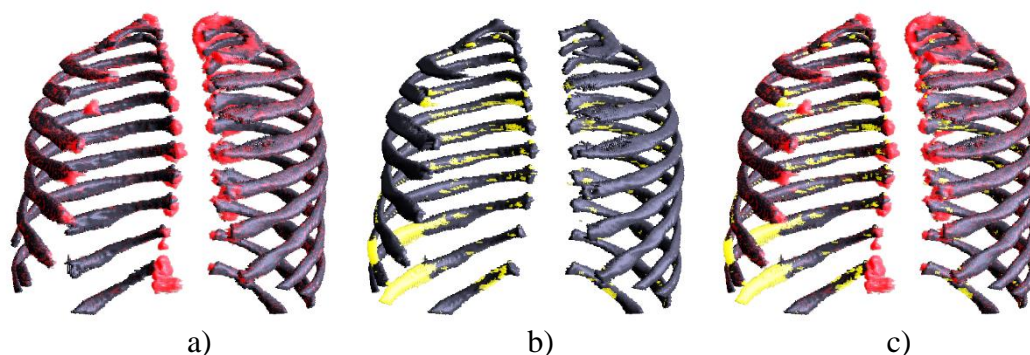


Obrázek 7.1 – Nedostatky nej kvalitnější segmentace žeber

(a) Červeně označené oblasti, které neměly být vysegmentovány. (b) Žlutě označené oblasti, které vysegmentovány být měly, ale nebyly. (c) Kombinace obou předchozích obrázků.

Na obrázku 7.2 je zobrazena segmentace žeber, jejíž hodnota Dice koeficientu je naopak z celé databáze nejnížší. Na první pohled je zřejmé, že nedostatků je zde mnohem více, než v předešlém případě. K nadměrné segmentaci opět dochází především

u počátků žeber, červeně jsou však označeny také některé konce žeber a částečně i jejich povrch. U tohoto konkrétního CT skenu by proto bylo žádoucí zpřísnit podmínky pro přidávání nových voxelů během finální segmentace. Situace s oblastmi žeber, které nebyly vysegmentovány, je obdobná jako v předešlém případě. Nezanedbatelné části 9. a 10. žebra nebyly vysegmentovány, jelikož primitiva v těchto oblastech byla chybně klasifikována jako pozadí.



Obrázek 7.2 - Nedostatky nejméně kvalitní segmentace žeber

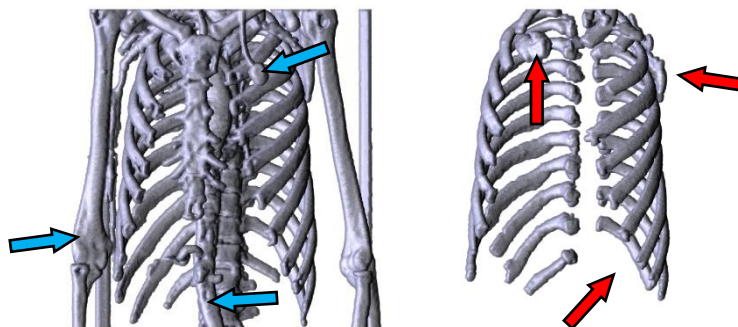
(a) Červeně označené oblasti, které neměly být vysegmentovány. (b) Žlutě označené oblasti, které vysegmentovány být měly, ale nebyly. (c) Kombinace obou předchozích obrázků.

Jak z ukázky nejlepší, tak i nejhorší segmentace je patrné, že drtivá většina žeber je až na malé odchylky vysegmentována přijatelně. Poměrně kvalitně jsou vysegmentovány i první páry žeber ve všech CT skenech testovací databáze, s jejichž detekcí měly algoritmy popsané ve člancích [16] či [19] problém.

7.4 Odolnost vůči variabilitě vstupních dat

Všech 10 CT skenů, na kterých byla ověřena funkčnost popsaného algoritmu, pochází z totožné databáze RIDER Lung CT, přičemž všechny CT skeny této databáze byly získány za totožných podmínek (použití téhož skenovacího protokolu). Otázkou proto je, jaký bude výsledek segmentace, bude-li na vstup algoritmu nahrán CT sken, který byl nasnímán odlišným způsobem, než zmíněná data testovací množiny.

Pro tento účel byl zvolen CT sken, ve kterém je přítomno hned několik abnormalit. Evidentní odlišností je, že společně s pacientovým hrudníkem byly nasnímány i jeho paže, pacientovy cévy byly napuštěny kontrastní látkou, a proto byly během prahování dat vysegmentovány společně s kostmi, a konečně, na pacientově těle byly umístěny zdravotnické přístroje. Popsané odlišnosti zachycuje obrázek 7.3 vlevo.



Obrázek 7.3 – Segmentace žeber CT skenu neznámého původu

Vlevo: Naprahovaná CT data neznámého původu. Modré šipky poukazují na odlišnosti přítomné v tomto CT skenu. **Vpravo:** Získaná segmentace žeber. Červené šipky poukazují na nedostatky přítomné v této segmentaci žeber, která byla získána beze změny jakéhokoliv výše popsaného parametru.

Na obrázku 7.3 vpravo je zobrazená výsledná segmentace žeber, která byla získána, aniž by byla změněna přednastavená hodnota některého z parametrů algoritmu. Výsledná segmentace vykazuje několik nedostatků, konkrétně chybějící 12. levé žebro, levou lopatku, která byla částečně vysegmentována a 1. pravé žebro, které zčásti přerostlo do kosti hrudní. Naopak paže, cévy ani zdravotnické přístroje vysegmentovány nebyly. S přihlédnutím k odlišnosti vstupních CT dat je výsledek segmentace neznámého skenu poměrně uspokojivý. Při porovnání tvaru hrudního koše, zachyceného na obrázcích 7.1, 7.2 a 7.3 je patrné, jak variabilní může anatomický tvar hrudního koše být.

7.5 Využití vysegmentovaných žeber

Vysegmentovaná žebra mohou být v medicíně využita pro mnoho účelů. Prvním z nich je anatomická analýza hrudního koše – označená žebra mohou poskytovat lepší přehled o lokaci orgánů (například plic) či ostatních struktur nacházejících se v hrudním koši člověka a to především při poranění hrudníku pacienta. Vysegmentovaná žebra dále mohou sloužit pro detekci anatomických abnormalit jako jsou například zlomeniny žeber. Nejzásadnější roli však vysegmentovaná žebra mají při diagnostice nádorových onemocnění, respektive při detekci metastáz, značících přítomnost zmíněného onemocnění. Nádory mohou být detekovány automaticky nebo je na vysegmentovaných žebrech může manuálně označit lékař. [17][31]

ZÁVĚR

Diplomová práce je rozdělena do několika částí, v úvodních kapitolách je popsána problematika spjatá s anomií hrudního koše, výpočetní tomografií a obecnými segmentačními přístupy. V hlavní části práce je pak teoreticky rozebrán navržený přístup segmentace žeber, na který navazuje kapitola zabývající se realizací tohoto přístupu v programovacím prostředí Matlab. V závěrečných kapitolách práce je pak vyhodnocena úspěšnost zrealizovaného algoritmu a jsou diskutovány jeho přednosti i nedostatky. Práce obsahuje mnoho názorných obrázků průběhu segmentace žeber, ze kterých jsou patrné veškeré její dílčí kroky.

Hlavním cílem práce je navrhnout a zrealizovat plně automatický přístup realizující segmentaci žeber z hrudních CT dat. Zvolen byl přístup založený na detekci středových linií kostí hrudního koše, které jsou následně rozděleny na krátká primitiva. Ta jsou klasifikátorem typu k-nejbližších sousedů klasifikována do dvou tříd – primitiva náležící středovým liniím žeber a primitiva náležící ostatním strukturám. Ze souboru primitiv spadajících do první ze zmíněných tříd jsou následně odstraněna nesprávně klasifikovaná primitiva a tento upravený soubor voxelů se stává iniciačními body metody narůstání oblastí v trojrozměrném prostoru, kterou je realizována finální segmentace. Tento finální krok probíhá celkem dvakrát – nejdříve jsou vysegmentována těla a konce žeber, posléze jsou samostatně vysegmentovány jejich počátky. Oba dílčí výsledky jsou následně sjednoceny, čímž je získána konečná segmentace žeber s kvalitně vysegmentovanými počátky.

Úspěšnost algoritmu byla vyhodnocena na databázi 10 hrudních CT skenů pocházejících z volně dostupné databáze RIDER Lung CT. Pro vyhodnocení úspěšnosti klasifikace primitiv byla zvolena senzitivita, specificita a F1 skóre, to dosahuje hodnoty 96 %. Metriky pro popis úspěšnosti výsledné segmentace žeber jsou totožné, jako u hodnocení úspěšnosti klasifikace primitiv, navíc však byla přidána metrika MASD, která je vhodným ukazatelem úspěšnosti objemových segmentací. Dosažené F1 skóre nabývá hodnoty 87 %, výsledná hodnota MASD je potom 0,56 mm. V testovací databázi je zastoupeno celkem 234 žeber, přičemž algoritmem nebylo detekováno pouze jedno z nich. Ve srovnání s výsledky publikovanými ve člancích, které se zabývají obdobnou problematikou, dosahuje zrealizovaný algoritmus srovnatelných či dokonce lepších výsledků než uvádějí autoři těchto článků.

Popsaný přístup je zcela automatický. Pokud to uživatel shledá přínosným, může poupravit hodnoty některých parametrů a ovlivnit tak výsledek segmentace. Největším nedostatkem popsaného algoritmu je občasná absence části žebra (chybějící konec či část těla žebra), což je obvykle způsobeno chybnou klasifikací jednoho z primitiv. Nejvíce odlišnou částí automaticky a manuálně vysegmentovaných žeber jsou jejich počátky – žebra těsně nasedají na jednotlivé obratle (na jejich těla a příčné výběžky) a proto je občas spolu s žebrem vysegmentována i část obratle. Díky zavedeným opatřením je však tento nedostatek téměř zanedbatelný.

Funkčnost zrealizovaného algoritmu byla ověřena na zmíněné databázi sestávající z 10 hrudních CT skenů a taktéž na hrudních CT datech neznámého původu, která obsahovala mnoho odlišností, ve srovnání s CT skeny využití databáze. V obou případech bylo dosaženo uspokojivých výsledků. Můžeme tedy říci, že navržený přístup je funkční a pro účely segmentace žeber se jeví jako vhodný.

LITERATURA

- [1] HANZLOVÁ, Jitka a Jan HEMZA. *Základy anatomie pohybového ústrojí*. 2., doplněné vydání Brno Masarykova univerzita, 2009. ISBN 978-80-210-4937-6.
- [2] *Zygote Body 3D Anatomy Online Visualizer: Human Anatomy*. American Fork: Zygote Media Group, 2017 [cit. 2020-01-09]. Dostupné z: <https://www.zygotebody.com/>
- [3] ČIHÁK, Radomír. *Anatomie*. 2., upravené a doplněné vydání Ilustroval Milan MED. Praha: Grada, 2001. ISBN isbn80-7169-970-5.
- [4] Thoracic Cage, Ribs, Fontanelles. *Antranik Kizirian: Strength & Flexibility Expert*. [cit. 2020-01-09]. Dostupné z: <https://antranik.org/thoracic-cage-ribs-fontanelles/>
- [5] JAN, Jiří. *Medical image processing, reconstruction, and restoration: Concepts and Methods*. Boca Raton, FL: Taylor & Francis, 2006. ISBN 9780824758493.
- [6] KALENDER, Willi A. *Computed tomography: fundamentals, system technology, image quality, applications*. 3rd rev. ed. Erlangen: Publicis, 2011. ISBN 978-3-89578-317-3.
- [7] LAROBINA, Michele a Loredana MURINO. Medical Image File Formats. *Journal of Digital Imaging*. 2014, **27**(2), 200-206 [cit. 2019-10-21]. DOI: 10.1007/s10278-013-9657-9. ISSN 0897-1889.
- [8] WILCOX, Susan R. a Edward A. BITTNER. Rib Fracture. *Critical Care Secrets*. Elsevier, 2013, 2013, s. 475-481 [cit. 2019-12-23]. DOI: 10.1016/B978-0-323-08500-7.00083-7. ISBN 9780323085007.
- [9] HUDA, W. Radiation Doses and Risks in Chest Computed Tomography Examinations. *Proceedings of the American Thoracic Society*. 2007, **4**(4), 316-320 [cit. 2020-01-01]. DOI: 10.1513/pats.200611-172HT. ISSN 1546-3222.
- [10] SWENSEN, Stephen J., James R. JETT, Thomas E. HARTMAN, et al. CT Screening for Lung Cancer: Five-year Prospective Experience. *Radiology*. 2005, **235**(1), 259-265 [cit. 2020-01-01]. DOI: 10.1148/radiol.2351041662. ISSN 0033-8419.
- [11] SHOKO, Tomohisa, Yoshizumi DEGUCHI a Keiichi KURIYAMA. Surgical fixation using rib stabilizers for flail chest injuries in elderly patients: three cases. *Trauma and Emergency Care*. 2017, **2**(2) [cit. 2019-12-23]. DOI: 10.15761/TEC.1000126. ISSN 23983345.
- [12] ZARQANE, H., P. VIALA, B. DALLAUDIÈRE, H. VERNHET, C. CYTEVAL a A. LARBI. Tumors of the rib. *Diagnostic and Interventional Imaging*. 2013, **94**(11), 1095-1108 [cit. 2019-12-24]. DOI: 10.1016/j.diii.2013.05.006. ISSN 22115684.
- [13] SMITH-BINDMAN, Rebecca. Radiation Dose Associated With Common Computed Tomography Examinations and the Associated Lifetime Attributable Risk of Cancer. *Archives of Internal Medicine*. 2009, **169**(22) [cit. 2019-12-21]. DOI: 10.1001/archinternmed.2009.427. ISSN 0003-9926.

- [14] HONGBING LU, ING-TSUNG HSIAO, XIANG LI a ZHENGRONG LIANG. Noise properties of low-dose CT projections and noise treatment by scale transformations. In: *2001 IEEE Nuclear Science Symposium Conference Record (Cat. No.01CH37310)*. IEEE, 2002, s. 1662-1666 [cit. 2019-12-21]. DOI: 10.1109/NSSMIC.2001.1008660. ISBN 0-7803-7324-3
- [15] WALEK, P.; LAMOŠ, M.; JAN, J. *Analýza biomedicínských obrazů*. Analýza biomedicínských obrazů. Brno: 2013. p. 1-138. ISBN: 978-80-214-4792- 9.
- [16] ZHANG, Li, Xiaodong LI a Qingmao HU. Automatic Rib Segmentation in Chest CT Volume Data. In: *2012 International Conference on Biomedical Engineering and Biotechnology*. IEEE, 2012, 2012, s. 750-753 [cit. 2019-11-05]. DOI: 10.1109/iCBEB.2012.89. ISBN 978-0-7695-4706-0.
- [17] LEE, Jaesung, Nico KARSSEMEIJER, Anthony P. REEVES a Ronald M. SUMMERS. *Segmentation of individual ribs from low-dose chest CT*. In: . 2010-3-4, 76243J- [cit. 2019-11-09]. DOI: 10.1117/12.844565.
- [18] DIJIA WU, D. LIU, Z. PUSKAS, CHAO LU, A. WIMMER, C. TIETJEN, G. SOZA a S. K. ZHOU. A learning based deformable template matching method for automatic rib centerline extraction and labeling in CT images. In: *2012 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*. IEEE, 2012, 2012, s. 980-987 [cit. 2019-11-10]. DOI: 10.1109/CVPR.2012.6247774. ISBN 978-1-4673-1228-8.
- [19] STAAL, Joes, Bram VAN GINNEKEN a Max A. VIERGEVER. Automatic rib segmentation and labeling in computed tomography scans using a general framework for detection, recognition and segmentation of objects in volumetric data. *Medical Image Analysis*. 2007, **11**(1), 35-46 [cit. 2019-11-28]. DOI: 10.1016/j.media.2006.10.001. ISSN 13618415.
- [20] STAAL, Joes, Bram VAN GINNEKEN a Max A. VIERGEVER. Automatic Rib Segmentation in CT Data. *Computer Vision and Mathematical Methods in Medical and Biomedical Image Analysis*. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2004, 2004, s. 193-204 [cit. 2019-12-09]. Lecture Notes in Computer Science. DOI: 10.1007/978-3-540-27816-0_17. ISBN 978-3-540-22675-8.
- [21] Cunningham, P. and Delany, S.J., 2007. k-Nearest neighbor classifiers. *Multiple Classifier Systems*, 34(8), pp.1-17.
- [22] ZHAO, Binsheng, Lawrence SCHWARTZ a Mark KRIS. *The Cancer Imaging Archive: Data From RIDER Lung CT*. 2015 [cit. 2020-04-15]. DOI: 10.7937/K9/TCIA.2015.U1X8A5NR.
- [23] KOLÁŘ, Radim. *Machine learning: Dimensionality reduction*. FEKT VUT, Brno, 2019.
- [24] FAWCETT, Tom. An introduction to ROC analysis. *Pattern Recognition Letters*. 2006, **27**(8), 861-874 [cit. 2020-04-02]. DOI: 10.1016/j.patrec.2005.10.010. ISSN 01678655.
- [25] GRUS, Joel. *Data science from scratch: first principles with Python*. Sebastopol, O'Reilly, [2015]. ISBN 978-1-491-90142-7.

- [26] ZVÁROVÁ, Jana. *Základy statistiky pro biomedicínské obory*. Praha: Karolinum, 1998. Biomedicínská statistika. ISBN 80-7184-786-0.
- [27] YUTAKA, Sasaki. *The truth of the F-measure*. 2007 [cit. 2020-04-06].
- [28] YADAV, Sanjay a Sanyam SHUKLA. Analysis of k-Fold Cross-Validation over Hold-Out Validation on Colossal Datasets for Quality Classification. In: *2016 IEEE 6th International Conference on Advanced Computing (IACC)*. IEEE, 2016, s. 78-83 [cit. 2020-04-06]. DOI: 10.1109/IACC.2016.25. ISBN 978-1-4673-8286-1.
- [29] BENEŠ, Miroslav a Barbara ZITOVÁ. Performance evaluation of image segmentation algorithms on microscopic image data. *Journal of Microscopy*. 2015, **257**(1), 65-85 [cit. 2020-04-13]. DOI: 10.1111/jmi.12186. ISSN 00222720.
- [30] TAHA, Abdel Aziz a Allan HANBURY. Metrics for evaluating 3D medical image segmentation: analysis, selection, and tool. *BMC Medical Imaging*. 2015, **15**(1) [cit. 2020-04-13]. DOI: 10.1186/s12880-015-0068-x. ISSN 1471-2342.
- [31] XU, Ziyue, Ulas BAGCI, Colleen JONSSON, Sanjay JAIN a Daniel J. MOLLURA. Efficient ribcage segmentation from CT scans using shape features. In: *2014 36th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*. IEEE, 2014, 2014, s. 2899-2902 [cit. 2020-04-16]. DOI: 10.1109/EMBC.2014.6944229. ISBN 978-1-4244-7929-0.
- [32] PÖLÖNEN, Harri and Gerald SCHUBERT, Segmentation of rib bones from MR data using tracking approach and polynomial parametrization. *21st European Signal Processing Conference (EUSIPCO 2013)*, Marrakech, 2013, pp. 1-5. [cit. 2020-04-16]
- [33] GUO, Wei, Qiang CHEN, Zhaoxuan GONG, Jing BI, Yoohwan KIM a Guodong ZHANG. Automatic Rib Detection and Segmentation Based on Spatial Distance Constraints Particle Filter Method. In: *Proceedings of the 2018 International Conference on Image and Graphics Processing - ICIGP 2018*. New York, New York, USA: ACM Press, 2018, s. 22-25 [cit. 2020-04-16]. DOI: 10.1145/3191442.3191474. ISBN 9781450363679.

SEZNAM SYMBOLŮ, VELIČIN A ZKRATEK

AUC	Plocha pod ROC křivkou (Area Under Curve)
CCD	Snímač s vázanými náboji (Charge–Coupled Device)
CT	Výpočetní tomografie (Computed tomography)
CTA	CT angiografie
DICOM	Datový formát
HU	Hounsfieldova jednotka
k-NN	Klasifikátor typu k-nejbližších sousedů (K - Nearest Neighbor)
MASD	Mean absolute surface distance
MHD	Datový formát
MRI	Magnetická rezonance (Magnetic Resonance Imaging)
NIFTI	Datový formát
PET	Pozitronová emisní tomografie
PNG	Datový formát
px, vx	Pixel, voxel
RAW	Datový formát
ROC	Operační charakteristika přijímače (Receiver Operating Characteristic)
RTG	Rentgen
TIFF	Datový formát
UZV	Ultrazvuk
μ	Lineární koeficient útlumu